

B5



⑮ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 197 42 706 A 1**

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/62
C 12 N 15/63
G 01 N 33/53
G 01 N 33/68

⑳ Aktenzeichen: 197 42 706.5
㉔ Anmeldetag: 26. 9. 97
㉕ Offenlegungstag: 15. 4. 99

DE 197 42 706 A 1

㉑ **Anmelder:**
Skerra, Arne, Prof. Dr., 64283 Darmstadt, DE

㉒ **Erfinder:**
Skerra, Arne, Dr., 64283 Darmstadt, DE; Schmidt,
Frank, Dr., 60598 Frankfurt, DE; Beste, Gerald, 64283
Darmstadt, DE; Stibora, Thomas, Dr., 64331
Weiterstadt, DE

⑤⑥ Für die Beurteilung der Patentfähigkeit in Betracht
zu ziehende Druckschriften:
Chemical Abstract, Vol. 122, Ref. 184543;
BIOSIS, Vol. 91, Ref. 203710;

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ **Anticaline**

⑤⑦ Die Erfindung bezieht sich auf die Herstellung neuer
Proteine mit Bindungsaktivität für vorgegebene Ligan-
den, sogenannte Anticaline. Dazu wird die Struktur von
Polypeptiden der Lipocalinfamilie durch Austausch von
Aminosäuren in deren natürlicher Liganden-Bindungsta-
sche mittels gentechnischer Methoden abgewandelt. Da-
bei werden die Anticaline erhalten, die ähnlich wie die
Immunglobuline zur Erkennung oder Bindung molekula-
rer Strukturen eingesetzt werden können.

DE 197 42 706 A 1

Die vorliegende Erfindung betrifft neue Polypeptide, Verfahren zu ihrer Herstellung sowie ihre Verwendung zur Bindung oder Erkennung vorgegebener Liganden.

Die Lipocaline (Pervaiz and Brew, FASEB J. 1 (1987), 209–214) sind eine Familie kleiner, oft monomerer sekretorischer Proteine, die aus unterschiedlichen Organismen isoliert wurden, und deren physiologische Rolle in der Speicherung oder dem Transport verschiedener Liganden, wie auch in komplexeren biologischen Funktionen besteht (Flower, Biochem. J. 318 (1996), 1–14). Die Lipocaline weisen untereinander relativ geringe Sequenzähnlichkeit auf, und ihre Zugehörigkeit zu derselben Proteinstrukturfamilie wurde erst durch die Röntgenstrukturanalyse aufgedeckt (Sawyer et al., Nature 327 (1987), 659).

Das erste Lipocalin mit bekannter Raumstruktur war das menschliche Retinol-Bindungsprotein, Rbp, das den Transport des wasserunlöslichen Vitamin A im Blutserum bewirkt (Newcomer et al., EMBO J. 3 (1984), 1451–1454). Kurze Zeit später wurde die Tertiärstruktur des Bilin-Bindungsproteins, Bbp, aus dem Schmetterling *Pieris brassicae* aufgeklärt (Huber et al., J. Mol. Biol. 195 (1987), 423–434). Anhand der Raumstruktur dieses Lipocalins, die in Fig. 1A schematisch wiedergegeben ist, lassen sich die wesentlichen Strukturmerkmale dieser Proteinklasse erläutern. Zentrales Element in der Faltungsarchitektur der Lipocaline ist die zylindrische Faltblattstruktur, das sogenannte β -Barrel, die sich aus acht nahezu kreisförmig angeordneten antiparallelen β -Faltblattsträngen zusammensetzt.

Dieses Supersekundärstrukturelement läßt sich auch als "Sandwich"-Anordnung zweier viersträngiger β -Faltblattstrukturen auffassen. Zusätzliche Strukturelemente sind ein gestrecktes Segment am Aminoterminus der Polypeptidkette und eine α -Helix in der Nähe des Carboxyterminus, die wiederum von einem gestreckten Segment gefolgt ist. Diese zusätzlichen Merkmale sind jedoch nicht notwendigerweise in allen Lipocalinen ausgeprägt. So fehlt z. B. ein erheblicher Teil des N-terminalen Segments in dem epididymalen Retinsäure-Bindungsprotein (Newcomer, Structure 1 (1993), 7–18). Ferner sind auch zusätzliche, spezielle Strukturelemente bekannt, wie beispielsweise Membrananker (Bishop und Weiner, Trends Biochem. Sci. 21 (1996), 127), die nur in bestimmten Lipocalinen vorkommen.

An einem Ende ist das β -Barrel durch dichte Aminosäurepackung sowie durch Schleifensegmente verschlossen. Am anderen Ende bildet das β -Barrel eine Bindungstasche, in der der jeweilige Ligand des Lipocalins komplexiert wird. Dort sind die acht benachbarten antiparallelen β -Faltblattstränge jeweils paarweise durch Kehren in der Polypeptidkette verbunden, die zusammen mit den angrenzenden Aminosäuren, die sich teilweise noch im Bereich der zylindrischen Faltblattstruktur befinden, jeweils ein Schleifensegment bilden. Die Bindungstasche für den Liganden wird von diesen insgesamt vier Peptidschleifen gebildet. Im Fall des Bbp wird das Biliverdin IXy in dieser Bindungstasche komplexiert. Ein anderer typischer Ligand für Lipocaline ist das Vitamin A im Fall des Rbp wie auch des β -Lactoglobulins (Papiz et al., Nature 324 (1986), 383–385).

Gegenüberstellungen der Sequenzen von verschiedenen Vertretern der Lipocalinfamilie sind unter anderem in der Veröffentlichung von Cowan et al. (Proteins: Struct., Funct., Genet. 8 (1990), 44–61) und in dem Übersichtsartikel von Flower (FEBS Lett. 354 (1994), 7–11) zu finden. Unter den derzeit weit mehr als 20 unterschiedlichen bekannten Lipocalinen befinden sich vor allem zwei menschliche Proteine, die bereits näher biochemisch charakterisiert wurden: das Retinol-Bindungsprotein und das Apolipoprotein D, ApoD (Yang et al., Biochemistry 33 (1994), 12451–12455). Das ApoD ist besonders interessant, da es enge strukturelle Verwandtschaft mit dem oben erwähnten Bbp aufweist (Peitsch und Boguski, New Biologist 2 (1990), 197–206).

Ein klassisches Beispiel für Proteine, die mittels nicht kovalenter Wechselwirkungen Liganden selektiv binden, stellen die Antikörper, d. h. Immunglobuline, dar. Diese Proteine spielen als Reagenzien auf den Gebieten der Biotechnologie, der Medizin, der Bioanalytik sowie ganz allgemein in den Biowissenschaften eine herausragende Rolle. Trotz der Vielfalt der gegebenen Einsatzmöglichkeiten im Zusammenhang mit der Erkennung, Bindung oder Abtrennung von Liganden werden heute beinahe ausschließlich Immunglobuline für entsprechende Zwecke eingesetzt. Die Anwendung anderer Proteine mit definierten Liganden-Bindungseigenschaften, wie z. B. der Lektine, ist dagegen auf Spezialfälle beschränkt geblieben.

Spezifische Antikörper lassen sich gegen verschiedenartigste Zielstrukturen, sogenannte Haptene bzw. Antigene, gezielt herstellen. Neben dem inzwischen allgemein etablierten Verfahren zur Produktion monoklonaler Antikörper werden dazu neuerdings auch biosynthetische Methoden eingesetzt, beispielsweise unter Verwendung der "Phage Display"-Technik (Hoess, Curr. Opin. Struct. Biol. 3 (1993), 572–579; Wells and Lowman, Curr. Opin. Struct. Biol. 2 (1992), 597–604). Ist erst einmal die genetische Information für die Bindungsregion (variable Domänen VH und VL) eines Immunglobulins mit der gewünschten Hapten- oder Antigen-spezifität bekannt, so stehen dem Fachmann für die Produktion dieses Antikörpers, seiner Fragmente oder davon abgeleiteter Hybridproteine zahlreiche gentechnische Verfahren unter Verwendung von eukaryontischen oder bakteriellen Expressionssystemen zur Verfügung. Dennoch zeichnen sich mitunter Nachteile beim praktischen Einsatz dieser Proteinklasse ab.

Beispielsweise ist es bei medizinischen Anwendungen wie z. B. dem "Tumor Imaging" oder dem "Drug Targeting" (Chester und Hawkins, Trends Biotechnol. 13 (1995) 294–300) wünschenswert, möglichst kleine Bindungsdomänen einzusetzen, da man sich davon eine verbesserte Gewebepenetration verspricht. Nach allgemeiner Ansicht ist das Fv-Fragment, welches sich aus der variablen Domäne der leichten Polypeptidkette (VL) und der variablen Domäne der schweren Polypeptidkette (VH) eines Antikörpers zusammensetzt, in der Regel das kleinste Immunglobulinfragment, welches eine strukturell intakte Antigen-Bindungsstelle ausbildet. Typischerweise besteht ein Fv-Fragment allerdings aus ungefähr 240 Aminosäuren, so daß ein solches Protein immer noch verhältnismäßig große Moleküldimensionen aufweist.

Des weiteren kann der Aufbau der Antikörper aus zwei verschiedenen Polypeptidketten (leichte und schwere Kette) zu unerwünschten Effekten führen. Da jeweils ein Paar kodierender Regionen kloniert und ggf. exprimiert werden muß, ist die gentechnische Produktion und Handhabung im Vergleich zu Proteinen aus einer einzelnen Polypeptidkette erschwert. Zudem hat sich gezeigt, daß Fv-Fragmente nicht selten über geringe proteinchemische Stabilität verfügen, da ihre VL- und VH-Domänen bloß über nicht kovalente Wechselwirkungen aneinander gebunden sind. Mit verschiedenen Strategien wurde daher schon versucht, die Assoziation der beiden variablen Domänen in dem heterodimeren Fv-Fragment zu

stabilisieren. Eine dieser Methoden bedient sich der Verknüpfung der beiden Polypeptidketten auf der Ebene der Translation, wobei sogenannte scFv-Fragmente (Bird und Walker, Trends Biotechnol. 9 (1991), 132–137) erhalten werden. Allerdings hat sich gezeigt, daß diese Vorgehensweise mitunter andere Nachteile mit sich bringt, wie zum Beispiel Einbußen in der Affinität für den Liganden oder ein unerwünschtes Oligomerisierungsverhalten (Desplancq et al., Protein Eng. 7 (1994), 1027–1033).

Der Erfindung liegt deshalb die Aufgabe zugrunde, andere Polypeptidreagenzien, die wie die Antikörper spezifische Bindungseigenschaften für vorgegebene Liganden aufweisen, zu entwickeln. Erfindungsgemäß wird diese Aufgabe gelöst mit den Anticalinen, die herstellbar sind ausgehend von Polypeptiden der Lipocalinfamilie, indem Aminosäuren im Bereich der vier Peptidschleifen, die an einem Ende der zylindrischen Faltblattstruktur angeordnet sind, mutiert werden, und die dadurch charakterisiert sind, daß sie einen vorgegebenen Liganden mit bestimmbarer Affinität binden.

Ein topographischer Vergleich des Verlaufs der Polypeptidkette in der Proteinfaltung der Lipocaline mit den Fv-Fragmenten der Immunglobuline wird aus Fig. 2 ersichtlich. In den Immunglobulinen wird die Bindungsstelle für das Antigen von sechs strukturell hypervariablen Peptidschleifen, auch CDRs (engl.: Complementarity Determining Regions) genannt, gebildet. Beide variable Domänen, VH und VL, tragen drei CDRs zur Antigen-Bindungsstelle bei. Die beiden variablen Domänen bestehen jeweils aus zwei schichtartig angeordneten β -Faltblattstrukturen, die das strukturell konservierte Gerüst bilden, welches die hypervariablen Peptidschleifen trägt. In dem Fv-Fragment entsteht so ein innerer und ein äußerer Ring von β -Faltblattsträngen, wobei zwei CDRs zwischen benachbarten Strängen des inneren Rings und vier CDRs zwischen Strängen des inneren und des äußeren Rings aufgespannt sind.

Im Vergleich dazu sind die Liganden-Bindungsstellen der Lipocaline einfacher aufgebaut. In diesem Fall liegt nur ein Ring von 8 antiparallelen β -Faltblattsträngen vor: das β -Barrel. Diese zyklische Faltblattstruktur ist in der Proteinfaltung der Lipocaline konserviert. Die Bindungsstelle wird im Eingangsbereich des β -Barrels von den vier Peptidschleifen gebildet, die jeweils zwei benachbarte β -Faltblattstränge miteinander verbinden. Diese Peptidschleifen können sich in ihrer Struktur erheblich zwischen den einzelnen Mitgliedern der Lipocalinfamilie unterscheiden.

Trotz der scheinbaren Analogie im strukturellen Aufbau der Immunglobuline und der Lipocaline, d. h. konservierte Gerüstbereiche einerseits und hypervariable, spezifitätsbestimmende Abschnitte andererseits, gibt es einen wesentlichen Unterschied zwischen diesen beiden Proteinklassen. Während nämlich im menschlichen Körper ca. 100 Millionen verschiedene Antikörper zirkulieren und ständig neu gebildet werden, bringt derselbe Organismus nur wenige verschiedene Lipocaline – wie z. B. das oben erwähnte Rbp oder das ApoD – hervor. Entstehen im Immunsystem eines Säugetiers durch somatische Genrekombination und Mutation fortwährend Antikörper mit neuen Antigenspezifitäten, so sind die Lipocaline im Gegensatz dazu im Verlauf der Evolution in der Struktur und Funktion ihrer jeweiligen Liganden-Bindungsstellen weitestgehend konserviert geblieben. Als Beispiel dafür kann das Rbp dienen, dessen Aminosäuresequenz aus verschiedenen Organismen bekannt ist. Der Sequenzvergleich mit dem menschlichen Rbp (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P02753) zeigt, daß beispielsweise zu dem Rbp des Schweins (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P27485) bloß 13 und zu dem des Rinds (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P18902) bloß 14 Unterschiede bestehen. Alle diese Aminosäuresubstitutionen befinden sich zudem in der Raumstruktur fernab der Bindungsstelle für das Retinol (s. die Fig. 13 in der Veröffentlichung von Cowan et al., supra).

In dem erfindungsgemäßen Verfahren wird diese Lücke zwischen den funktionellen Eigenschaften der Antikörper und der Lipocaline geschlossen, indem eine oder mehrere der vier Peptidschleifen, die die Liganden-Bindungsstelle eines Lipocalins bilden, einer Mutagenese unterzogen werden und im Anschluß daran solche Proteinvarianten (Muteine) ausgewählt, d. h. selektiert werden, die die gewünschte Bindungsaktivität für einen vorgegebenen Liganden aufweisen. Die dabei erhaltenen Lipocalinmuteine werden hier als Anticaline bezeichnet.

Im folgenden wird an einem Beispiel, nämlich dem Bbp, erläutert, was unter dem Begriff Peptidschleifen in dieser Erfindung anhand der Polypeptidsequenz verstanden werden soll. Die vier Peptidschleifen der Lipocaline, die bei der erfindungsgemäßen Herstellung der Anticaline durch Mutagenese in ihrer Sequenz abgewandelt werden, sind durch diejenigen Abschnitte in der linearen Polypeptidsequenz gekennzeichnet, die die Aminosäurepositionen 28 bis 45, 58 bis 69, 86 bis 99 und 114 bis 129 des Bbp umfassen. Diese Sequenzabschnitte beginnen jeweils vor dem C-Terminus eines der konservierten β -Faltblattstränge an der offenen Seite des β -Barrels, schließen die eigentliche Peptidkehre ein, und enden nach dem N-Terminus des in der Sequenz folgenden, ebenfalls konservierten β -Faltblattstrangs.

Anhand veröffentlichter oder vom Fachmann selbst durchführbarer Sequenz-Gegenüberstellungen (Alignments) oder Strukturüberlagerungen läßt sich die Definition der für das Bbp angegebenen Sequenzpositionen auf andere Lipocaline übertragen. Beispielsweise kann man aus der in Fig. 3 wiedergegebenen Sequenz-Gegenüberstellung, die dem von Peitsch und Boguski (New Biologist 2 (1990), 197–206) veröffentlichten Alignment entspricht, ablesen, daß die vier Peptidschleifen im Fall des ApoD die Aminosäurepositionen 28 bis 44, 59 bis 70, 85 bis 98 und 113 bis 127 umfassen. Mit der beschriebenen Vorgehensweise ist es möglich, auch in neuen Lipocalinen die entsprechenden Peptidschleifen zu identifizieren, die sich für eine erfindungsgemäße Mutagenese eignen.

Als problematisch bei der Ermittlung der konservierten β -Faltblattstränge kann sich in manchen Fällen die relativ schwach ausgeprägte Sequenzhomologie der Lipocaline erweisen. Entscheidend ist daher die Fähigkeit der Polypeptidsequenz, die zyklische Faltblattstruktur aus 8 antiparallelen β -Faltblattsträngen auszubilden. Diese läßt sich ggf. unter Einsatz strukturanalytischer Methoden wie der Proteinkristallographie oder der multidimensionalen Kernresonanzspektroskopie nachweisen.

Die zur Mutagenese geeigneten Sequenzabschnitte können bei anderen Lipocalinen, wie z. B. dem ApoD oder dem Rbp, aufgrund der jeweils variierenden Struktur der Peptidschleifen durchaus länger oder kürzer sein als beim Bbp (vgl. Fig. 3). Es kann sogar von Vorteil sein, einen oder mehrere der Sequenzabschnitte durch Deletion oder Insertion von einer oder mehreren Aminosäuren zusätzlich in seiner Länge zu verändern. In einer bevorzugten Ausführung der Erfindung werden diejenigen Aminosäurepositionen in diesen Sequenzabschnitten, die den Sequenzpositionen 34 bis 37, 58, 60, 69, 88, 90, 93, 95, 97, 114, 116, 125 und 127 des Bbp entsprechen, und die in den Fig. 1B und 3 hervorgehoben sind, mutiert. Im Fall des ApoD sind demgemäß die Sequenzpositionen 34 bis 37, 59, 61, 70, 87, 89, 92, 94, 96, 113, 115, 123 und 125 für die Mutagenese bevorzugt. Für die Herstellung von Anticalinen müssen jedoch nicht alle hier angegebenen

Sequenzpositionen einer Mutagenese unterzogen werden.

Als Grundstruktur zur Herstellung von Anticalinen sind selbstverständlich neben den hier genannten Beispielen auch andere Lipocaline geeignet. Bevorzugt sind die zur Zeit bereits sehr gründlich biochemisch untersuchten Lipocaline Rbp, Bbp oder ApoD zu verwenden. Besonders bevorzugt sind Lipocaline humanen Ursprungs zur Herstellung von Anticalinen zu verwenden. Dies gilt vor allem, wenn eine Anwendung des oder der resultierenden Anticaline am Menschen beabsichtigt ist, da beispielsweise bei diagnostischen oder therapeutischen Anwendungen in vivo im Vergleich zu den Lipocalinen aus anderen Organismen minimale immunogene Wirkung zu erwarten ist. Jedoch können sich auch andere und ggf. künftig erst neu zu entdeckende Lipocaline als besonders vorteilhaft zur Herstellung von Anticalinen erweisen. Ebenso können künstliche Proteine mit einem dem β -Barrel der Lipocaline strukturell äquivalenten Faltungselement dazu verwendet werden.

Vorzugsweise sollen die erfindungsgemäßen Anticaline den gewünschten Liganden mit bestimmbarer Affinität, d. h. mit einer Affinitätskonstante von mindestens 10^5 M^{-1} binden. Niedrigere Affinitäten lassen sich mit den üblichen Meßmethoden in der Regel nicht mehr exakt erfassen und sind daher für praktische Anwendungen von untergeordneter Bedeutung. Besonders bevorzugt sollen die Anticaline den gewünschten Liganden mit einer Affinität von mindestens 10^6 M^{-1} , entsprechend einer Komplex-Dissoziationskonstante von $1 \mu\text{M}$, binden. Die Bindungsaffinität eines Anticalins zu dem gewünschten Liganden kann vom Fachmann mit einer Vielzahl von Methoden ermittelt werden, beispielsweise mit dem Verfahren der Fluoreszenztitration, durch Kompetitions-ELISA oder mittels der Oberflächen-Plasmonresonanztechnik.

Als Ausgangspunkt zur Mutagenese der Peptidschleifen kann die cDNA eines Lipocalins dienen, die mit dem Fachmann bekannten Methoden hergestellt und kloniert werden kann, wie es beispielsweise für das Bbp beschrieben wurde (Schmidt und Skerra, Eur. J. Biochem. 219 (1994), 855–863). Alternativ kann auch genomische DNA eingesetzt oder eine Gensynthese oder eine Kombination dieser Verfahren durchgeführt werden. Zur Mutagenese der Aminosäuren in den vier Peptidschleifen stehen dem Fachmann die verschiedenen bekannten Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese oder zur Mutagenese mittels der Polymerase-Kettenreaktion zur Verfügung. Die Mutageneseverfahren können beispielsweise dadurch gekennzeichnet sein, daß Mischungen synthetischer Oligodesoxynukleotide, die an den gewünschten Positionen degenerierte Basenzusammensetzung aufweisen, zur Einführung der Mutationen verwendet werden. Auch der Einsatz von Nukleotidbausteinen mit reduzierter Basenpaarungsspezifität, wie z. B. Inosin, kommt zur Einführung von Mutationen in den ausgewählten Sequenzabschnitten oder Aminosäurepositionen in Betracht. Im Vergleich zu den Antikörpern ist die Vorgehensweise zur Mutagenese der Liganden-Bindungsstelle vereinfacht, da bei den Lipocalinen dafür nur vier anstelle von sechs Sequenzabschnitten – entsprechend den vier oben genannten Peptidschleifen – manipuliert werden müssen.

Bei den Methoden der ortsgerechten Zufallsmutagenese unter Einsatz von synthetischen Oligodesoxynukleotiden lassen sich die betreffenden Aminosäurepositionen in der Lipocalinstruktur, die mutiert werden sollen, vorherbestimmen. Die ideale Auswahl der zu mutierenden Aminosäurepositionen kann von dem verwendeten Lipocalin einerseits und dem gewünschten Liganden andererseits abhängen. Dabei kann es sinnvoll sein, die Gesamtzahl der mutierten Aminosäurepositionen innerhalb eines Experiments so gering zu halten, daß die Sammlung der bei der Mutagenese erhaltenen Varianten, d. h. die sogenannte Bibliothek, in ihrer Gesamtheit oder wenigstens in einer repräsentativen Auswahl davon sowohl auf der Ebene der kodierenden Nukleinsäure als auch auf der Ebene der Genprodukte in ihrer kombinatorischen Komplexität möglichst vollständig realisiert werden kann.

Die zu mutierenden Aminosäurepositionen sollten sich vor allem dann sinnvoll auswählen lassen, wenn Strukturinformationen über das verwendete Lipocalin selbst, wie im Fall des Rbp und des Bbp, oder zumindest über ein Lipocalin mit ähnlicher Struktur vorliegen, wie z. B. im Fall des ApoD. Der Satz der ausgewählten Aminosäurepositionen kann außerdem von den Eigenschaften des gewünschten Liganden abhängen. Z. B. kann es im Fall eines kleinen, haptenartigen Liganden sinnvoll sein, vor allem Aminosäurepositionen am Zentrum der Liganden-Bindungstasche, also noch in oder nahe dem Bereich des β -Barrels, der Mutagenese zu unterziehen. Im Fall eines größeren, antigenartigen Liganden dagegen sollte die Mutagenese auch diejenigen Aminosäurepositionen in den Peptidschleifen betreffen, die besonders exponiert an der Proteinoberfläche angeordnet sind, und die sich eher in der Mitte der entsprechenden Sequenzabschnitte befinden. Abgesehen von einer solchen funktionellen Betrachtung kann es sich zudem als vorteilhaft erweisen, einzelne Aminosäurepositionen im Bereich der Liganden-Bindungstasche von einer Mutagenese aus zunehmen, wenn diese sich beispielsweise als essentiell für die Faltungseffizienz oder -stabilität des Proteins erweisen.

Eine der zahlreichen anwendbaren Methoden zur Einführung von Mutationen im Bereich der vier Peptidschleifen eines Lipocalins basiert auf der Verwendung von vier Oligodesoxynukleotiden, die jeweils von einem der vier entsprechenden zu mutierenden Sequenzabschnitte abgeleitet sind. Bei der Herstellung dieser Oligodesoxynukleotide kann der Fachmann zur Synthese derjenigen Nukleotidtriplets, die den zu mutierenden Aminosäurepositionen entsprechen, Gemische von Nukleinsäurebausteinen einsetzen, so daß zufällig Codons bzw. Anticodons für alle Aminosäuren oder, gemäß dem genetischen Code und der Zusammensetzung dieser Mischung, für eine Auswahl der an dieser Position gewünschten Aminosäuren zustandekommen.

Beispielsweise entspricht das erste Oligodesoxynukleotid in seiner Sequenz – abgesehen von den mutierten Positionen – zumindest teilweise dem kodierenden Strang für diejenige Peptidschleife, die in der Polypeptidsequenz des Lipocalins am weitesten N-terminal liegt. Das zweite Oligodesoxynukleotid entspricht demgemäß zumindest teilweise dem nicht-kodierenden Strang für den in der Polypeptidsequenz folgenden zweiten Sequenzabschnitt. Das dritte Oligodesoxynukleotid entspricht wiederum zumindest teilweise dem kodierenden Strang für den entsprechenden dritten Sequenzabschnitt. Das vierte Oligodesoxynukleotid entspricht schließlich zumindest teilweise dem nichtkodierenden Strang für den vierten Sequenzabschnitt. Mit dem ersten und zweiten Oligodesoxynukleotid sowie mit dem dritten und vierten Oligodesoxynukleotid kann jeweils eine Polymerase-Kettenreaktion unter Verwendung der für das Lipocalin kodierenden Nukleinsäure und/oder ihres Gegenstrangs als Matrice durchgeführt werden.

Die Amplifizierungsprodukte dieser beiden Reaktionen können durch verschiedene bekannte Methoden zu einer Nukleinsäure zusammengesetzt werden, welche die Sequenz von dem ersten bis zum vierten Sequenzabschnitt umfaßt und

die Mutationen an den ausgewählten Aminosäurepositionen trägt. Beispielsweise können die beiden Produkte dazu einer erneuten Polymerase-Kettenreaktion unter Verwendung flankierender Oligodesoxynukleotide als Primer sowie eines oder mehrerer vermittelnder Nukleinsäuremoleküle, die die Sequenz zwischen dem zweiten und dem dritten Sequenzabschnitt beitragen, unterzogen werden. Diese Vorgehensweise ist in Fig. 4 schematisch wiedergegeben. Bei der Wahl der Anzahl der zur Mutagenese verwendeten Oligodesoxynukleotide und deren Anordnung innerhalb der Gensequenz des Lipocalins stehen dem Fachmann darüber hinaus vielfältige Alternativen zur Verfügung.

Die Nukleinsäuremoleküle, die für den Sequenzbereich mit den vier Peptidschleifen eines Lipocalins kodieren und Mutationen an den ausgewählten Positionen enthalten, können durch Legierung mit den fehlenden 5'- und 3'-Sequenzen einer für das Lipocalin kodierenden Nukleinsäure verbunden und in einem der bekannten Wirtsorganismen kloniert werden. Für die Legierung und Klonierung stehen wiederum vielfältige Vorgehensweisen zur Verfügung. Beispielsweise können im Verlauf einer Amplifizierung synthetische Nukleinsäuremoleküle mit Erkennungssequenzen für Restriktionsendonukleasen, welche an den entsprechenden Positionen in der Nukleinsäuresequenz für das Lipocalin ebenfalls vorhanden sind, an den beiden Enden der zu klonierenden Nukleinsäure angefügt werden, so daß nach der Hydrolyse mit dem entsprechenden Restriktionsenzym eine Legierung ermöglicht wird.

Die vorliegende Erfindung betrifft auch die gezielte Mutagenese einzelner Aminosäurepositionen innerhalb oder außerhalb der vier Peptidschleifen, beispielsweise um durch Einführung von Schnittstellen für bestimmte Restriktionsenzyme die Subklonierung des mutierten Lipocalingens oder seiner Teile zu vereinfachen. Beispielsweise können in das Bbp-Gen die Mutationen Asn21 zu Gln und Lys135 zu Met eingeführt werden, um die Klonierung des mutierten Genabschnitts über zwei neue BstXI-Restriktionsschnittstellen an diesen Positionen zu erleichtern. Ebenso betrifft die vorliegende Erfindung die gezielte Einführung von Mutationen innerhalb oder außerhalb der vier Peptidschleifen, um bestimmte Eigenschaften des Anticalins zu verbessern, z. B. seine Faltungsstabilität oder -effizienz oder seine Widerstandsfähigkeit gegenüber Proteasen. So kann beispielsweise durch den Aminosäureaustausch Lys87 zu Ser eine Spaltung des Bbp in zwei Fragmente, die ansonsten bei dessen Produktion in *E. coli* auftritt, unterdrückt werden. Eine Oligomerisierung des ursprünglichen Bbp kann zudem durch die Mutation Asn1 zu Asp vermieden werden. Auch kann durch den Austausch Cys116 zu Ser im ApoD dessen kovalente Quervernetzung mit anderen Proteinen verhindert und seine monomere Struktur stabilisiert werden.

In einer bevorzugten Ausführung der Erfindung dient dementsprechend die Bbp-Variante mit der Substitution Lys87 zu Ser als Grundstruktur zur Herstellung von Anticalinen. Besonders bevorzugt wird die Bbp-Variante mit den Substitutionen Asn1 zu Asp, Asn21 zu Gln, Lys135 zu Met und Lys87 zu Ser zur Herstellung von Anticalinen eingesetzt.

Auch längere Sequenzabschnitte innerhalb des für das Lipocalin kodierenden Gens können mittels bekannter Methoden einer Zufallsmutagenese unterworfen werden, z. B. durch Einsatz der Polymerase-Kettenreaktion unter Bedingungen erhöhter Fehlerrate, durch chemische Mutagenese oder durch Verwendung bakterieller Mutatorstämme (Low et al., *J. Mol. Biol.* 260 (1996), 359–368). Derartige Methoden lassen sich auch zur weiteren Optimierung der Ligandenaffinität oder -spezifität eines bereits hergestellten Anticalins verwenden. Mutationen, die dabei möglicherweise außerhalb der vier Schleifenregionen auftreten, können oft toleriert werden oder sich sogar als günstig erweisen, wenn sie z. B. zu einer verbesserten Faltungseffizienz oder -stabilität des Anticalins beitragen.

Nachdem die der Mutagenese unterzogenen kodierenden Nukleinsäuresequenzen zur Expression gebracht worden sind, können aus den verschiedenen Klonen der erhaltenen Bibliothek diejenigen Klone selektiert werden, die die genetische Information für Anticaline tragen, welche einen vorgegebenen Liganden binden. Zur Selektion dieser Klone können bekannte Expressionsstrategien und Selektionsstrategien eingesetzt werden. Derartige Methoden sind beispielsweise im Zusammenhang mit der Herstellung oder dem Engineering rekombinanter Antikörperfragmente beschrieben worden, wie die "Phage Display"-Technik oder "Colony Screening"-Methoden (Skerra et al., *Anal. Biochem.* 196 (1991), 151–155).

Als Beispiel für ein erfindungsgemäßes Selektionsverfahren für Anticaline mit den gewünschten Bindegenschaften sei hier eine Ausführungsform der "Phage Display"-Technik (Hoess, supra; Wells and Lowman, supra; Kay et al., *Phage Display of Peptides and Proteins – A Laboratory Manual* (1996), Academic Press) genannt. Die verschiedenen anderen möglichen Ausführungsformen der "Phage Display"-Technik werden hiermit per Referenz in die Offenbarung einbezogen. Für das beispielhafte Selektionsverfahren werden Phasmente hergestellt, welche die Expression des mutierten Lipocalin-Strukturgens als Fusionsprotein mit einer Signalsequenz am N-Terminus, bevorzugt der OmpA-Signalsequenz, und mit dem Hüllprotein pIII des Phagen M13 (Model und Russel, in "The Bacteriophages", Vol. 2 (1988), Plenum Press, New York, 375–456) oder Fragmenten dieses Hüllproteins, welche in die Phagenhülle eingebaut werden, am C-Terminus bewirken. Bevorzugt wird das C-terminale Fragment ApIII des Phagen-Hüllproteins, welches lediglich die Aminosäuren 217 bis 406 des natürlichen Hüllproteins pIII enthält, zur Herstellung der Fusionsproteine verwendet. Besonders bevorzugt wird ein C-terminales Fragment von pIII, in dem der Cysteinrest an der Position 201 fehlt oder durch eine andere Aminosäure ersetzt ist.

Das Fusionsprotein kann noch weitere Bestandteile enthalten, wie z. B. ein Affinitätsanhängsel oder eine Epitopsequenz für einen Antikörper, die den Nachweis, die Immobilisierung oder die spätere Reinigung des Fusionsproteins oder seiner Teile gestattet. Ferner kann sich zwischen der für das Lipocalin oder Anticalin kodierenden Region und dem Genabschnitt für das Hüllprotein oder sein Fragment ein Stopcodon, vorzugsweise ein Amber-Stopcodon, befinden, das in einem geeigneten Suppressorstamm bei der Translation zumindest teilweise in eine Aminosäure übersetzt wird.

Als Phasmente werden hier bakterielle Plasmide bezeichnet, die die intergenische Region eines filamentösen Bakteriophagen, wie z. B. M13 oder f1 (Beck und Zink, *Gene* 16 (1981), 35–58) oder einen funktionellen Teil davon tragen, so daß bei Superinfektion der Bakterienzelle mit einem Helferphagen, beispielsweise M13K07, VCS-M13 oder R408, ein Strang der zirkulären Phasmid-DNA mit Hüllproteinen verpackt und als sogenanntes Phagemid in das Medium ausgeschleust wird. Dieses Phagemid hat einerseits das von dem jeweiligen Phasmid kodierte Lipocalinmtein als Fusion mit dem Hüllprotein pIII oder dessen Fragment an seiner Oberfläche eingebaut, wobei die Signalsequenz von dem Fusionsprotein in der Regel abgespalten wird. Andererseits trägt es eine oder mehrere Kopien des nativen Hüllproteins pIII von dem Helferphagen und ist somit in der Lage, einen Rezipienten – im allgemeinen einen Bakterienstamm, der ein F- oder

F'-Plasmid trägt – zu infizieren. Auf diese Weise wird eine physikalische Kopplung zwischen der verpackten Nukleinsäure, die die genetische Information für das jeweilige Lipocalinmucin oder Anticalin trägt, und dem kodierten Protein gewährleistet, das zumindest teilweise in funktioneller Form an der Oberfläche des Phagemids präsentiert wird.

Zur Konstruktion der Phasmide mit den für die Bbp-Muteine kodierenden Sequenzen kann beispielsweise der Vektor pBBP20 (Fig. 5) verwendet werden. Zur Selektion von Anticalinen ausgehend von einem anderen Lipocalin wird ein analoger Vektor hergestellt, indem die DNA-Sequenz, die für dieses Lipocalin oder seine Muteine kodiert, anstelle der für das Bbp kodierenden Sequenz in den Vektor pBBP20 inseriert wird. Im Fall des Bbp oder seiner Muteine kann die für die vier Peptidschleifen kodierende Nukleinsäure beispielsweise über die beiden BstXI-Restriktionsschnittstellen in den Vektor pBBP20 inseriert werden. Rekombinante Phasmide werden durch Transformation in den *E. coli*-Stamm, beispielsweise XL1-Blue (Bullock et al., *BioTechniques* 5 (1987), 376–379) oder TG1, eingebracht. Auf diese Weise werden Klone hergestellt, die zahlreiche verschiedene Lipocalinmucine als Fusionsproteine produzieren können.

Anschließend wird diese Bibliothek, d. h. die Sammlung der erhaltenen Klone, nach bekannten Verfahren in Flüssigkultur mit einem M13-Helferphagen superinfiziert. Nach dieser Infektion kann die Inkubationstemperatur der Kultur zur Produktion der Phagemide abgesenkt werden. Bevorzugt werden Inkubationstemperaturen, bei denen eine optimale Faltung der Lipocalinmucine als Bestandteil des Fusionsproteins mit dem Phagenhüllprotein oder seinem Fragment zu erwarten ist. Während oder nach der Infektionsphase kann in den Bakterienzellen die Expression des Gens für das Fusionsprotein mit dem Lipocalinmucin induziert werden. Die Induktionsbedingungen werden so gewählt, daß ein erheblicher Teil der produzierten Phagemide mindestens ein Lipocalinmucin präsentiert. Die Phagemide werden nach einer Inkubationsphase der Kultur von beispielsweise 6 bis 8 h isoliert. Zur Isolierung der Phagemide sind verschiedene Verfahren, wie z. B. die Präzipitation mit Polyethylenglykol bekannt.

Die isolierten Phagemide können durch Inkubation mit dem gewünschten Liganden einer Selektion unterworfen werden, wobei der Ligand in einer Form vorliegt, die eine zumindest vorübergehende Immobilisierung derjenigen Phagemide ermöglicht, die Anticaline mit der gewünschten Bindungsaktivität als Fusionsprotein in ihrer Hülle tragen. Unter den verschiedenen dem Fachmann bekannten Ausführungsformen kann der Ligand beispielsweise mit einem Trägerprotein, wie Serumalbumin, konjugiert und über dieses Trägerprotein an eine proteinbindende Oberfläche, beispielsweise Polystyrol, gebunden werden. Zu dieser Immobilisierung des Liganden lassen sich bevorzugt die für ELISA-Techniken geeigneten Mikrotiterplatten oder sogenannte "Immuno-Sticks" verwenden. Alternativ können auch Konjugate des Liganden mit anderen bindefähigen Gruppen, wie z. B. Biotin, eingesetzt werden. Der Ligand läßt sich dann an Oberflächen immobilisieren, die diese Gruppe selektiv binden, wie z. B. mit Streptavidin oder Avidin beschichtete Mikrotiterplatten oder paramagnetische Partikel.

Vorhandene Proteinbindungsstellen an den mit dem Liganden besetzten Oberflächen können mit den für ELISA-Verfahren bekannten Blockierungslösungen abgesättigt werden. Anschließend werden die Phagemide beispielsweise in einem physiologischen Puffer mit dem an der Oberfläche immobilisierten Liganden in Kontakt gebracht. Ungebundene Phagemide werden durch mehrfaches Waschen entfernt. Die an der Oberfläche verbleibenden Phagemidpartikel werden anschließend eluiert. Zur Elution kann der freie Ligand in gelöster Form zugegeben werden. Die Phagemide können aber auch durch Zugabe von Proteasen oder unter mäßig denaturierenden Bedingungen, z. B. in Gegenwart von Säuren, Laugen, Detergentien oder chaotropen Salzen, eluiert werden. Eine bevorzugte Methode ist die Elution mittels Puffern mit pH 2,2, wobei das Eluat anschließend neutralisiert wird.

Danach werden *E. coli*-Zellen mittels allgemein bekannter Methoden mit den eluierten Phagemiden infiziert. Die Nukleinsäure kann auch aus den eluierten Phagemiden extrahiert und auf andere Weise in die Zellen eingebracht werden. Ausgehend von den dabei erhaltenen *E. coli*-Klonen werden durch Superinfektion mit M13-Helferphagen nach dem oben beschriebenen Verfahren wiederum Phagemide erzeugt und die auf diese Weise vermehrten Phagemide erneut einer Selektion an der Oberfläche mit dem immobilisierten Liganden unterworfen. Oft sind mehrere Selektionszyklen notwendig, um die Phagemide mit den Anticalinen in angereicherter Form zu erhalten. Die Anzahl der Selektionszyklen wird bevorzugt so gewählt, daß bei der anschließenden funktionellen Analyse mindestens 0,1% der untersuchten Klone Lipocalinmucine mit nachweisbarer oder bestimmbarer Affinität zu dem vorgegebenen Liganden produzieren. Abhängig vom Umfang, d. h. der Komplexität der eingesetzten Bibliothek sind dazu typischerweise 2 bis 8 Zyklen notwendig.

Zur funktionellen Analyse der selektierten Muteine wird ein *E. coli*-Stamm mit den nach den Selektionszyklen erhaltenen Phagemiden infiziert und die entsprechende doppelsträngige Phasmid-DNA isoliert. Ausgehend von dieser Phasmid-DNA oder auch von der aus den Phasmiden extrahierten einzelsträngigen DNA kann die Nukleinsäuresequenz der selektierten Lipocalinmucine mittels der dazu üblichen Methoden bestimmt und die Aminosäuresequenz daraus abgeleitet werden. Die mutierte Region oder die Sequenz des gesamten Lipocalinmucins oder Anticalins kann in einem anderen Expressionsvektor subkloniert und in einem geeigneten Wirtsorganismus exprimiert werden. Als Expressionsvektor kann beispielsweise pBBP21 verwendet werden, und die Expression mit pBBP21-Derivaten kann in *E. coli*-Stämmen, beispielsweise *E. coli*-TG1, durchgeführt werden. Die gentechnisch hergestellten Anticaline können durch verschiedene proteinchemische Verfahren gereinigt werden. Die beispielsweise mit pBBP21 produzierten Anticaline tragen das Affinitätspeptid Strep-Tag II (Schmidt et al., *J. Mol. Biol.* 255 (1996), 753–766) an ihrem C-Terminus und können daher bevorzugt mittels der Streptavidin-Affinitätschromatographie gereinigt werden.

Die Selektion kann ebenso mittels anderer Methoden durchgeführt werden. Eine Vielzahl entsprechender Ausführungsformen ist dem Fachmann bekannt oder in der Literatur beschrieben. Auch eine Kombination von Methoden kann angewandt werden. Beispielsweise können Klone, die durch "Phage Display" selektiert oder zumindest angereichert wurden, zusätzlich einem "Colony Screening" unterzogen werden. Diese Vorgehensweise hat den Vorteil, daß dabei direkt einzelne Klone hinsichtlich der Produktion von Anticalinen mit nachweisbarer Bindungsaffinität für einen Liganden isoliert werden können.

Neben der Verwendung von *E. coli* als Wirtsorganismus bei der "Phage Display"-Technik oder der "Colony Screening"-Methode lassen sich beispielsweise auch andere Bakterienstämme, Hefen oder auch Insekten- oder Säugerzellen dazu heranziehen. Zusätzlich zur Selektion eines Anticalins aus einer primären Bibliothek, die ausgehend von einer kodierenden Nukleinsäuresequenz für ein Lipocalin hergestellt wurde, können vergleichbare Methoden auch angewandt

werden, um ein Anticalin durch wiederholte, ggf. eingeschränkte Mutagenese seiner kodierenden Nukleinsäuresequenz hinsichtlich Affinität oder Spezifität für den gewünschten Liganden zu optimieren.

Es ist überraschend, daß mit dem erfindungsgemäßen Verfahren Anticaline gewonnen werden können, die hohe Affinität zu einem vorgegebenen Liganden zeigen. Mit den in den Beispielen beschriebenen Anticalinen wurden für verschiedene Fluoresceinderivate Bindungskonstanten bestimmt, die mehr als 10^6 M^{-1} betragen. Diese Affinitätswerte liegen in derselben Größenordnung wie die Affinitäten der Lipocaline zu ihren natürlichen Liganden, beispielsweise von Rbp zu Vitamin A (Cogan et al., Eur. J. Biochem. 65 (1976), 71–78). Im Gegensatz zu den natürlichen Liganden der Lipocaline, die in der Regel wasserunlöslich und chemisch unbeständig sind, handelt es sich allerdings bei Fluorescein um eine relativ hydrophile Verbindung, die auch in immunologischen Studien als Hapten mit Modellcharakter eingesetzt wurde (Voss, Fluorescein Hapten: An Immunological Probe (1984), CRC Press). Zudem zeigt das Fluorescein mit dem Biliverdin IX γ , dem ursprünglichen Liganden des Bbp, keinerlei strukturelle Verwandtschaft.

Solche mit den Anticalinen erzielbare Affinitäten für neue Liganden sind vergleichbar mit den Affinitäten, welche für Antikörper aus der sekundären Immunantwort bekannt sind. Darüber hinaus besteht zusätzlich die Möglichkeit, die hergestellten Anticaline einer weiteren, ggf. partiellen Zufallsmutagenese zu unterwerfen, um aus der dabei erhaltenen neuen Bibliothek Varianten mit noch höherer Affinität zu selektieren. Entsprechende Vorgehensweisen wurden bereits im Fall rekombinanter Antikörperfragmente zum Zweck einer "Affinitätsmaturierung" beschrieben (Low et al., supra; Barbas und Burton, Trends Biotechnol. 14 (1996), 230–234) und lassen sich vom Fachmann auch auf die Anticaline in entsprechender Weise anwenden.

Überraschenderweise zeigte sich weiterhin, daß die vier Peptidschleifen, welche die Liganden-Bindungstasche der Lipocaline bilden, hohe Toleranz für Aminosäuresubstitutionen aufweisen, ohne daß die Faltung der Polypeptidkette in den gewonnenen Anticalinen dadurch wesentlich beeinträchtigt wird. Dementsprechend ist es möglich, Anticaline zu generieren, die Bindungstaschen mit vielfältigen Oberflächeneigenschaften aufweisen, so daß die molekulare Erkennung von unterschiedlichsten Liganden, auch von Peptiden oder Polypeptiden sowie anderen Makromolekülen, realisiert werden kann.

Ist die genetische Information für ein Anticalin erst einmal vorhanden oder seine Aminosäuresequenz bekannt, so läßt es sich mit allgemein bekannten gentechnischen Verfahren produzieren. Bevorzugt sind Verfahren zur Herstellung von Anticalinen, wobei das Anticalin, ein Fragment des Anticalins oder ein Fusionsprotein aus dem Anticalin und einem anderen Polypeptid ausgehend von der für das Anticalin kodierenden Nukleinsäure mittels gentechnischer Methoden in einem bakteriellen oder eukaryontischen Wirtsorganismus produziert und aus diesem Wirtsorganismus oder dessen Kultur gewonnen wird. Die Tatsache, daß dabei in der Regel nur ein Strukturgen zur Expression gebracht werden muß, stellt eine erhebliche Vereinfachung im Vergleich zu den Antikörpern oder ihren Fragmenten dar.

Eine Vielzahl von Wirtsorganismen, wie *E. coli* und andere Gram-negative oder auch Gram-positive Bakterien, Hefen und andere eukaryontische Zellen, kann zur gentechnischen Herstellung eingesetzt werden. Auch die Wahl zwischen diversen Expressionsstrategien ist möglich. So führt beispielsweise im Wirtsorganismus *E. coli* die Sekretion mit einer geeigneten Signalsequenz, wie in den Beispielen beschrieben, zum korrekt gefalteten, funktionellen Protein, in dem die Disulfidbindungen ausgebildet sind. Andererseits ist es ebenfalls möglich, ein Anticalin im Cytosol einer Bakterienzelle zu produzieren und, falls das Lipocalin im Cytosol nicht funktionell gefaltet wird, dieses erst *in vitro* funktionell zu falten. Selbst eine Faltung aus Aggregaten, welche sich bei der Sekretion ggf. im Periplasma des Bakteriums ansammeln, ist möglich.

Gentechnisch hergestellte Anticaline können mittels einer Vielzahl etablierter Methoden gereinigt werden. Die Eignung der Methode hängt jeweils vom verwendeten Wirtsorganismus, der Expressionsstrategie und anderen Faktoren ab, die dem in der Expression und Reinigung rekombinanter Proteine erfahrenen Fachmann bekannt sind. Die Reinigung kann ggf. vereinfacht werden, indem das Anticalin mit einer oder mehreren Peptidsequenzen fusioniert wird. Bevorzugt sind zur Fusion solche Peptide oder Proteine zu verwenden, die dem resultierenden rekombinanten Protein Affinität zu bestimmten Säulenmaterialien verleihen. Solche Fusionen sollten die Funktion des Anticalins nicht negativ beeinflussen oder müssen z. B. durch Einfügung geeigneter Proteaseschnittstellen abspaltbar sein. Als typische Beispiele für Fusionspartner seien Oligohistidin-Anhängsel, das Strep-Tag oder das Strep-Tag II, die Glutathion-S-Transferase, das Maltose-Bindungsprotein oder die Albumin-Bindungsdomäne des Protein G genannt. Ebenso können Anticaline über ihre jeweilige Liganden-Bindungsstelle mittels einer Affinitätschromatographie an dem an einer Säulenmatrix immobilisierten zugehörigen Liganden, bzw. geeigneten Derivaten dieses Liganden, gereinigt werden. Der Aufbau der Anticaline aus einer einzelnen Polypeptidkette ist im Vergleich mit rekombinanten Antikörperfragmenten bei der Reinigung von Vorteil, da keine Maßnahmen ergriffen werden müssen, um die intakte Assoziation von Untereinheiten zu gewährleisten.

Die Struktur eines Anticalins kann zum Zweck der verbesserten Produktion, Reinigung oder Anwendbarkeit zusätzlich modifiziert werden. So kann beispielsweise das N- oder das C-terminale Peptidsegment, welches nicht Bestandteil der β -Barrel-Struktur ist, entfernt werden. Vorhandene Disulfidbindungen können durch Substitution der Cysteinreste eliminiert, oder neue Disulfidbindungen können an anderer Stelle eingeführt werden. Freie Cysteinreste, wie der Rest 116 im ApoD, können entfernt werden, wenn sie z. B. die Produktion oder die Stabilität des Anticalins beeinträchtigen. Ggf. können auch Cysteinreste neu eingeführt werden, um z. B. entsprechende Proteinkonjugate durch chemische Kopplung mit anderen Komponenten herzustellen. Auch können außerhalb der eigentlichen Ligandenbindungstasche Bindungsstellen für weitere Liganden, wie z. B. Metallionen, in das Anticalin eingebaut werden. Schließlich können auch zu anderen Zwecken als der Proteinproduktion oder -reinigung Fusionsproteine aus Anticalinen und anderen Polypeptiden, Proteinen oder Protein-domänen mittels dem Fachmann bekannter Methoden hergestellt werden. Die Fusion kann bevorzugt am N-Terminus oder auch am C-Terminus des Anticalins erfolgen.

Derartige Fusionen können geeignet sein, um dem Anticalin neue Eigenschaften zu vermitteln, wie z. B. enzymatische Aktivität oder Affinität zu anderen Molekülen, wie Proteinen, Makromolekülen oder niedermolekularen Liganden. Beispielsweise sind Fusionen mit Enzymen, welche chromogene oder fluorogene Reaktionen katalysieren oder zur Freisetzung von cytotoxischen Agenzien dienen können, möglich. Weitere Beispiele für Fusionspartner, die in der Praxis von Vorteil sein können, sind Bindungsdomänen wie die Albumin-Bindungsdomäne von Protein G, Protein A, Antikörper-

fragmente, Oligomerisierungsdomänen, Toxine oder auch Anticaline mit anderer oder derselben Ligandenspezifität. Alternativ zur Herstellung von Fusionsproteinen können auch Konjugate aus Anticalinen und Proteinen, Nukleinsäuren oder nahezu beliebigen Biomolekülen und chemischen Verbindungen anhand dem Fachmann bekannter Methoden hergestellt werden.

- 5 Anticaline und ihre Derivate können ähnlich wie die Antikörper oder deren Fragmente in vielen Bereichen eingesetzt werden. Bevorzugt werden Anticaline verwendet zur Bindung an eine Festphase, so daß der Ligand des Anticalins oder ein Konjugat oder Fusionsprotein dieses Liganden immobilisiert oder abgetrennt werden kann. Weiterhin bevorzugt ist die Verwendung von Anticalinen zur Markierung mit einem Enzym, einem Antikörper, einer radioaktiven Substanz oder einer anderen Gruppe mit einer biochemischen Aktivität oder mit definierten Bindungseigenschaften, so daß der Ligand
10 des Anticalins oder ein Konjugat oder Fusionsprotein dieses Liganden damit nachgewiesen oder in Kontakt gebracht werden kann. Anticaline können beispielsweise zum Nachweis chemischer Strukturen mittels etablierter bioanalytischer Methoden wie ELISA oder Westernblot, in der Mikroskopie oder in der Immunsensorik dienen. Das Nachweissignal kann dabei entweder direkt unter Einsatz eines geeigneten Anticalinkonjugats oder -fusionsproteins erzeugt werden oder indirekt durch Detektion des gebundenen Anticalins mittels eines dagegen gerichteten Antikörpers oder z. B. unter Ver-
15 wendung eines Affinitätsanhangsels.

- Bevorzugte Liganden für Anticaline sind einerseits chemische Verbindungen in freier oder konjugierter Form, die Merkmale eines immunologischen Haptens aufweisen, und andererseits Peptide, Polypeptide oder andere Makromoleküle wie auch entsprechende Konjugate davon. Ein interessantes Anwendungsgebiet ist der Einsatz der Anticaline zum Zweck des Nachweises von nicht radioaktiv markierten Biomolekülen, insbesondere Nukleinsäuren. So sind zum Bei-
20 spiel chemisch reaktive Derivate des Fluoresceins zur Markierung von Proteinen oder von Nukleinsäuren kommerziell verfügbar, und auch Verfahren zum Einbau von Fluorescingruppen bei der Synthese oder Replikation von Nukleinsäuren sind bekannt. Entsprechend modifizierte Nukleinsäuren lassen sich als spezifische Sonden verwenden und anschließend mit den in den Beispielen beschriebenen Anticalinen nachweisen.

- Zahlreiche Anwendungsmöglichkeiten für die Anticaline liegen in der Medizin. Neben dem Einsatz in der Diagnostik
25 können auch Anticaline hergestellt werden, welche beispielsweise gewebs- oder tumorspezifische zelluläre Oberflächenmoleküle binden. Entsprechende Anticaline können in konjugierter Form oder als Fusionsproteine zum "Tumor Imaging" oder direkt zur Krebstherapie eingesetzt werden. Zur Herstellung solcher Anticaline kann es zweckmäßig sein, von einem menschlichen Lipocalin auszugehen, wie z. B. dem Rbp oder dem ApoD. Die geringe Größe der Anticaline oder ihrer Derivate hat dabei gegenüber den Antikörpern neue und vorteilhafte Eigenschaften zur Folge.

- 30 Die Erfindung wird weiter veranschaulicht durch die nachstehenden Beispiele und die beigefügten Zeichnungen, in denen:

- Fig. 1 die molekulare Raumstruktur des Bbp mit seinem Liganden Biliverdin IXy schematisch darstellt (A) und die räumliche Position derjenigen Aminosäuren angibt (B), die bevorzugt Gegenstand der Mutagenese zur Herstellung von Anticalinen sind;

- 35 Fig. 2 die Topographie der Polypeptidkette für die Liganden-Bindungsstellen von Antikörpern (A) und von Lipocalinen (B) miteinander vergleicht;

Fig. 3 die Aminosäuresequenzen verschiedener Lipocaline gegenüberstellt;

- Fig. 4 die Herstellung der Bibliothek der Lipocalinm uteine auf der Ebene der Nukleinsäuren schematisch veranschaulicht;

- 40 Fig. 5 den Plasmidvektor pBBP20 schematisch wiedergibt;

Fig. 6 die Expressionsvektoren pBBP21 (A) und pBBP22 (B) schematisch darstellt;

Fig. 7 die Bindung eines Peptids durch Anticaline in einem ELISA demonstriert.

- Fig. 1 zeigt die Kristallstruktur des Bbp (Datei 1BBP aus der Brookhaven Protein Data Bank; Molekül A), die mit Hilfe des Programms MOLSCRIPT (Kraulis, J. Appl. Cryst. 24 (1991), 946-950) graphisch dargestellt wurde. In (A) sind der gebundene Ligand wie auch die beiden Disulfidbindungen in dem Polypeptid als "Ball and Stick" wiedergegeben (Kohlenstoff: schwarz; Stickstoff, Schwefel: dunkelgrau; Sauerstoff: hellgrau). Die einzelnen β -Faltblattstränge sind als Bänder und die α -Helix ist als Spirale abgebildet. Die kelchartige Form der Liganden-Bindungsstelle ist oben am offenen Ende des aus den acht antiparallelen β -Faltblattsträngen gebildeten β -Barrels zu erkennen. In (B) sind die C^α -Positionen der Aminosäuren als entlang der Polypeptidkette miteinander verbundene Kugeln wiedergegeben. Der N- und der C-Terminus des Polypeptids ist markiert. Die schwarz dargestellten C^α -Positionen sind mit den Sequenznummern bezeichnet und geben die Lage der in den Beispielen mutierten Aminosäuren in der Struktur des Bbp an.

- Fig. 2 zeigt eine Aufsicht (A) auf die Antigen-Bindungsstelle im Fv-Fragment eines Immunglobulins, welche gemeinsam von den variablen Domänen VL und VH gebildet wird, und (B) auf die Liganden-Bindungsstelle eines Lipocalins. Die β -Faltblattstränge sind jeweils angenähert senkrecht zur Papierebene angeordnet und als Balken dargestellt. Die sechs CDRs (L1, L2, L3, H1, H2, H3) im Immunglobulin sowie die vier Peptidschleifen im Lipocalin verbinden jeweils zwei β -Faltblattstränge miteinander. Die anderen Verbindungssegmente und Strukturelemente sind weggelassen.

- Fig. 3 zeigt einen Sequenzvergleich (Angabe der Aminosäuren im Einbuchstaben-Code) zwischen dem Bilin-Bindungsprotein (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P09464), dem menschlichen Apolipoprotein D (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P05090) und dem Retinol-Bindungsprotein (SWISS-PROT Datenbank-Zugriffscode P02753) in Form der muren Polypeptide. Die acht Segmente im Bereich des β -Barrels, welche den konservierten β -Faltblattsträngen entsprechen und in den Kristallstrukturen von Bbp und Rbp große Ähnlichkeit aufweisen, sind durch Unterstreichung hervorgehoben. Die Schleifenregionen, in denen Aminosäuren bevorzugt ausgetauscht werden sollen, sind unterhalb der Sequenz des Bbp durch doppeltes Unterstreichen gekennzeichnet. Diejenigen Positionen im Bbp, welche in den Beispielen mutiert wurden, sind zusätzlich durch Sterne markiert. Das Alignment zwischen den Sequenzen von Bbp und ApoD entspricht derjenigen in der Publikation von Peitsch und Boguski (New Biologist 2 (1990), 197-206).

- Fig. 4 zeigt schematisch eine Strategie zur konzentrierten Mutagenese von 16 ausgewählten Aminosäurepositionen im Bbp durch wiederholte Anwendung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Für jede der vier Peptidschleifen des Lipocalins, in der Aminosäuren mutiert werden sollten, wurde ein Oligodesoxynukleotid synthetisiert, SEQ ID NO: 1, SEQ

ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 und SEQ ID NO: 4, wobei an den Mutationsstellen jeweils die im Sequenzprotokoll angegebenen Mischungen der Basenbausteine eingesetzt wurden. Aufgrund der gewählten Zusammensetzung konnte an allen mutierten Codons aus den drei insgesamt möglichen Stopcodons ggf. nur das Amber-Stopcodon, TAG, entstehen, welches in den zur Genexpression verwendeten *E. coli* supE-Stämmen XL1-Blue oder TG1 als Glutamin translatiert wird. Für bestimmte Anwendungen, beispielsweise zur Genexpression in anderen Bakterienstämmen oder Organismen, kann ein solches Nonsense-Codon, wenn es im Strukturgen für ein selektiertes Anticalin auftritt, vom Fachmann z. B. mittels ortsgerechter Mutagenese durch ein für Glutamin kodierendes Codon substituiert werden. Mit den Primern SEQ ID NO: 1 und SEQ ID NO: 2 wurde unter Verwendung der pBBP20-Plasmid-DNA (SEQ ID NO: 10), die das Bbp-Strukturgen enthält, als Matrize ein Nukleinsäurefragment mit 159 Basenpaaren amplifiziert (1. Schritt, A). Parallel dazu wurde mit den Primern SEQ ID NO: 3 und SEQ ID NO: 4, ebenfalls unter Verwendung von pBBP20 als Matrize, ein Nukleinsäurefragment mit 164 Basenpaaren amplifiziert (1. Schritt, B). Die Mischung dieser beiden Fragmente diente als Matrize in einem 2. Amplifizierungsschritt in Gegenwart eines mit den beiden Fragmenten hybridisierenden Oligodesoxynukleotids SEQ ID NO: 5 sowie der beiden flankierenden PCR-Primer SEQ ID NO: 6 und SEQ ID NO: 7, wobei ein Genfragment von 371 Basenpaaren erhalten wurde. Dieses enthielt alle 16 mutierten Codons und wurde anschließend mittels der beiden BstXI-Schnittstellen in dem Vektor pBBP20 kloniert. Die Verwendung dieser beiden Restriktionsschnittstellen, die durch ihre spezielle Anordnung beim Restriktionsverdau zu zwei nicht kompatiblen überhängenden DNA-Enden führten, ermöglichte eine besonders effiziente Legierung. Zur Einführung der beiden BstXI-Schnittstellen in das Bbp-Strukturgen waren zuvor die beiden Aminosäuresubstitutionen Asn21 zu Gln und Lys135 zu Met gegenüber der ursprünglichen Sequenz vorgenommen worden.

Fig. 5 zeigt eine Zeichnung von pBBP20. Dieser Vektor kodiert für ein Fusionsprotein aus der OmpA-Signalsequenz, einem veränderten Bbp mit den vier Aminosäuresubstitutionen Asn1 zu Asp, Asn21 zu Gln, Lys87 zu Ser und Lys135 zu Met, dem Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel und einer verkürzten Form des Hüllproteins pIII von M13, umfassend die Aminosäuren 217 bis 406 (pIII). Das Strukturgen steht unter der Transkriptionskontrolle des Tetracyclin-Promotor/Operators ($tet^{p/o}$) und endet am Lipoprotein-Transkriptionsterminator (t_{pp}). Weitere Elemente des Vektors sind der Replikationsursprung (*ori*), die intergenische Region des filamentösen Bakteriophagen f1 (f1-IG), das für die β -Lactamase kodierende Ampicillin-Resistenzgen (*bla*) und das Tetracyclin-Repressorgen (*tetR*). Zwischen der kodierenden Region für das Bbp mit der OmpA-Signalsequenz und dem Strep-Tag II sowie der kodierenden Region für das verkürzte Phagenhüllprotein pIII befindet sich ein Amber-Stopcodon, welches in einem Amber-Suppressor-Wirtstamm teilweise überlesen wird. Die beiden BstXI-Schnittstellen, die zur Klonierung der mutierten Genkassette verwendet wurden, und die das Strukturgen flankierenden Restriktionsschnittstellen sind markiert. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP20 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO: 10 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit einer Hexanukleotidsequenz, die durch Legierung eines XbaI-Überhangs mit einem dazu komplementären SpeI-Überhang erhalten wurde, und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75, dessen vollständige Nukleotidsequenz in der Offenlegungsschrift DE 44 17 598 A1 angegeben ist.

Fig. 6 zeigt eine Zeichnung von pBBP21 (A) und von pBBP22 (B). pBBP21 kodiert für ein Fusionsprotein aus der OmpA-Signalsequenz, einem veränderten Bbp gemäß Fig. 5 und dem Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel. Dieses Strukturgen wird von dem dsbC-Strukturgen (einschließlich dessen ribosomaler Bindungsstelle) aus *E. coli* (Zapun et al., Biochemistry 34 (1995), 5075–5089) als einem zweiten Cistron gefolgt. Das dadurch gebildete künstliche Operon steht unter gemeinsamer Transkriptionskontrolle des Tetracyclin-Promotor/Operators ($tet^{p/o}$) und endet am Lipoprotein-Transkriptionsterminator (t_{pp}). Alle weiteren genetischen Elemente sind identisch mit pBBP20 gemäß Fig. 5. Die mit der Ko-sekretion verbundene Überproduktion der bakteriellen Disulfidisomerase DsbC kann die Knüpfung der richtigen Disulfidbrücken in dem Lipocalin unterstützen und so die Ausbeute an korrekt gefaltetem Polypeptid steigern. Allerdings ist die Produktion des Lipocalins oder der Anticaline auch ohne diese Maßnahme möglich. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP21 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO: 11 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit einem Hexanukleotid, das durch Legierung eines stumpfen Strangendes mit einem aufgefüllten HindIII-Strangende erhalten wurde, wobei die ursprüngliche HindIII-Schnittstelle verloren ging. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75, dessen vollständige Nukleotidsequenz in der Offenlegungsschrift DE 44 17 598 A1 angegeben ist. pBBP22 kodiert für ein Fusionsprotein aus der OmpA-Signalsequenz, einem veränderten Bbp gemäß Fig. 5, dem Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel und einer Albumin-Bindungsdomäne (abd) des Protein G aus *Streptococcus* (Kraulis et al., FEBS Lett. 378 (1996), 190–194). Alle weiteren genetischen Elemente sind identisch mit pBBP20. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP22 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO: 12 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75, dessen vollständige Nukleotidsequenz in der Offenlegungsschrift DE 44 17 598 A1 angegeben ist.

Fig. 7 zeigt eine graphische Darstellung der Daten aus Beispiel 7, in der ein synthetisiertes Peptidepitop des Hepatitis C-Virus mit den Anticalinen HepC1 (Quadrate) und HepC4 (Kreise) in einem ELISA nachgewiesen wurde. Zum Vergleich sind die mit dem Bbp (Dreiecke) erhaltenen Werte aufgetragen. "C" steht für die relative Proteinkonzentration innerhalb jeder Verdünnungsreihe.

Beispiele

Beispiel 1

Herstellung einer Bibliothek für Lipocalinmuteine

Sofern nicht anders angegeben, wurden die dem Fachmann geläufigen gentechnischen Methoden, wie sie z. B. in

Sambrook et al. (Molecular Cloning, A Laboratory Manual (1989), Cold Spring Harbor Press) beschrieben sind, verwendet.

Zur konzertierten Mutagenese von insgesamt 16 ausgewählten Aminosäurepositionen in den vier Peptidschleifen des Bbp wurde die PCR in mehreren Schritten gemäß Fig. 4 angewandt. Die PCR-Reaktionen wurden in den ersten beiden Amplifizierungsschritten in einem Volumen von 50 µl durchgeführt, wobei 10 ng pBBP20-Plasmid-DNA als Matrize sowie jeweils 25 pmol der Primer, welche nach der üblichen Phosphoramitid-Methode synthetisiert worden waren, eingesetzt wurden. Zudem enthielt der Reaktionsansatz 5 µl 10 × Taq-Puffer (100 mM Tris/HCl pH 9,0, 500 mM KCl, 1% v/v Triton X-100), 3 µl 25 mM MgCl₂, 4 µl dNTP-Mix (2,5 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP). Nach Auffüllen mit Wasser wurde der Ansatz mit Mineralöl überschichtet und in einem programmierbaren Thermostatisierblock für 2 min auf 94°C erhitzt. Anschließend wurden 2,5 u Taq DNA-Polymerase (5 u/µl, Promega) zugegeben und 20 Temperaturzyklen von 1 min bei 94°C, 1 min bei 60°C, 1,5 min bei 72°C, gefolgt von einer Inkubation für 5 min bei 60°C, durchgeführt. Die gewünschten Amplifizierungsprodukte wurden durch präparative Agarose-Gelelektrophorese unter Verwendung des Jet-sorb DNA Extraction Kits (Genomed) nach den Angaben des Herstellers aus Low Melting Point Agarose (Gibco BRL) isoliert.

Der darauffolgende Amplifizierungsschritt wurde in einem 100 µl-Ansatz durchgeführt, wobei jeweils ca. 6 ng dieser beiden Fragmente als Matrize, je 50 pmol der beiden Primer SEQ ID NO: 6 und SEQ ID NO: 7 sowie 1 pmol des Oligodesoxynukleotids SEQ ID NO: 5 eingesetzt wurden. Die restlichen Komponenten des PCR-Ansatzes wurden wie in den vorangegangenen Amplifizierungsschritten mit der doppelten Menge zugesetzt. Die PCR fand bei 20 Temperaturzyklen von 1 min bei 94°C, 1 min bei 55°C, 1,5 min bei 72°C statt, gefolgt von einer abschließenden Inkubation für 5 min bei 60°C. Das erwartete Fragment wurde erneut durch präparative Agarose-Gelelektrophorese isoliert.

Zur Klonierung dieses Fragments, welches die Bibliothek der Lipocalinmteine in Form der Nukleinsäure repräsentierte, wurde es zunächst mit dem Restriktionsenzym BstXI (New England Biolabs) nach den Angaben des Herstellers geschnitten. Die Reinigung des erhaltenen Nukleinsäurefragments (335 Basenpaare, bp) erfolgte wiederum mittels präparativer Agarose-Gelelektrophorese. Analog wurde die DNA des Vektors pBBP20 mit BstXI geschnitten und das größere der beiden Fragmente (3971 bp) isoliert.

Zur Legierung wurden 0,93 µg (4,2 pmol) des PCR-Fragments und 11 µg (4,2 pmol) des Vektorfragments in Gegenwart von 102 Weiss Units T4 DNA-Ligase (New England Biolabs) in einem Gesamtvolumen von 500 µl (50 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM MgCl₂, 10 mM DTT, 1 mM ATP, 50 µg/ml BSA) für zwei Tage bei 16°C inkubiert. Anschließend wurde die DNA gefällt, indem jeweils 24 µl des Legierungsansatzes mit 10 µg tRNA aus Hefe (Boehringer Mannheim), 25 µl 5 M Ammoniumacetat und 100 µl Ethanol versetzt wurden. Nach Inkubation bei -20°C für drei Tage wurde zentrifugiert (25 min, 16 000 g, 4°C). Das Präzipitat wurde mit jeweils 200 µl Ethanol (70% v/v, -20°C) gewaschen und unter Vakuum getrocknet. Die DNA wurde schließlich in 43,6 µl TE/10 (1 mM Tris/HCl pH 8,0, 0,1 mM EDTA pH 8,0) aufgenommen. Die DNA-Konzentration der erhaltenen Lösung wurde durch analytische Agarose-Gelelektrophorese anhand der Fluoreszenzintensität der mit Ethidiumbromid angefärbten Banden im Vergleich mit einer Probe bekannter Konzentration abgeschätzt.

Die Präparation elektrokompenter Zellen des E. coli K12-Stamms XL1-Blue (Bullock et al., supra) erfolgte gemäß den von Tung und Chow (Trends Genet. 11 (1995), 128–129) und von Hengen (Trends Biochem. Sci. 21 (1996), 75–76) beschriebenen Methoden. 1 l LB-Medium wurde durch Zugabe einer stationären XL1-Blue Übernachtskultur auf eine optische Dichte bei 600 nm, OD₆₀₀ = 0,08 eingestellt und bei 200 Upm und 26°C in einem 2 l-Erlenmeyer-Kolben inkubiert. Nach Erreichen von OD₆₀₀ = 0,6 wurde die Kultur für 30 min auf Eis gekühlt und anschließend für 15 min bei 4000 g und 4°C zentrifugiert. Das Zellsediment wurde zweimal mit jeweils 500 ml eiskaltem 10% w/v Glycerin gewaschen und schließlich in 2 ml eiskaltem GYT-Medium (10% w/v Glycerin, 0,125% w/v Hefeextrakt, 0,25% w/v Trypton) resuspendiert.

Zur Elektroporation wurde das Easyjec T Basic System (EquiBio) mit den dazugehörigen Küvetten (Elektrodenabstand 2 mm) verwendet. Alle Arbeitsschritte wurden im Kühlraum bei 4°C durchgeführt. Jeweils 5 bis 6 µl der oben genannten DNA-Lösung (245 ng/µl) wurde mit 40 µl der Zellsuspension gemischt, 1 min auf Eis inkubiert und anschließend in die Küvette überführt. Nach der Elektroporation wurde die Suspension sofort in 2 ml frischem, eiskaltem SOC-Medium (2% w/v Trypton, 0,5% w/v Hefeextrakt, 10 mM NaCl, 10 mM MgSO₄, 10 mM MgCl₂) verdünnt und für 60 min bei 37°C und 200 Upm geschüttelt. Die Zellen wurden anschließend jeweils für 2 min bei 3600 g sedimentiert, in 1 ml LB-Medium mit 100 µg/ml Ampicillin (LB/Amp) resuspendiert und zu je 200 µl auf Agar-Platten (140 mm Durchmesser) mit LB/Amp-Medium ausplattiert. Unter Einsatz von insgesamt 10,7 µg der ligierten DNA wurden auf diese Weise mit acht Elektroporationsansätzen $3,73 \cdot 10^8$ Transformanten erhalten, die auf 40 Agar-Platten verteilt waren und gemäß Beispiel 2 weiter verwendet wurden.

Beispiel 2

Phagemidpräsentation und Selektion von Anticalinen gegen Fluorescein

Die auf LB/Amp-Agar ausplattierten Zellen, welche mit den Phasmidvektoren transformiert waren, die für die Bibliothek der Lipocalinmteine als Fusionsproteine kodierten, wurden für 14 h bei 32°C inkubiert. Dann wurden die Kolonien unter Zusatz von je 10 ml 2 × YT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt, in einen sterilen Erlenmeyerkolben überführt und zur vollständigen Resuspendierung für 20 min bei 37°C, 200 Upm geschüttelt. 500 ml auf 37°C vorgewärmtes 2 × YT/Amp-Medium wurden mit 2,3 ml dieser Suspension inokuliert, so daß die Zelldichte OD₅₅₀ bei 0,08 lag.

Diese Kultur wurde bei 37°C, 160 Upm bis zu einer Zelldichte von OD₅₅₀ = 0,5 inkubiert, mit VCS-M13 Helferphage (Stratagene) infiziert (Multiplicity of Infection ca. 10) und für weitere 30 min bei 37°C, 160 Upm geschüttelt. Anschließend wurde Kanamycin (70 µg/ml) zugegeben, die Inkubatortemperatur auf 26°C erniedrigt und nach 10 min mit 25 µg/l Anhydrotetracyclin (250 µl einer 50 µg/ml-Stammlösung in Dimethylformamid, DMF) zur Induktion der Genexpression versetzt. Anschließend wurde für weitere 7 h bei 26°C, 160 Upm inkubiert.

50 ml wurden aus dieser Kultur entnommen und die Zellen durch Zentrifugation (15 min, 12 000 g, 4°C) sedimentiert. Der Überstand, der die Phagemidpartikel enthielt, wurde steriltfiltriert (0,45 µm), mit 1/4 Volumen (12,5 ml) 20% w/v PEG 8000, 15% w/v NaCl versetzt und über Nacht bei 4°C inkubiert. Nach Zentrifugation (20 min, 18000 g, 4°C) wurden die präzipitierten Phagemidpartikel in 2 ml kaltem PBS (4 mM KH₂PO₄, 16 mM Na₂HPO₄, 115 mM NaCl, pH 7,4) gelöst. Die Lösung wurde für 30 min auf Eis inkubiert und auf zwei 1,5 ml-Reaktionsgefäße verteilt. Nach Abzentrifugieren ungelöster Bestandteile (5 min, 18 500 g, 4°C) wurde der Überstand jeweils in ein neues Reaktionsgefäß überführt.

Zur erneuten Fällung der Phagemidpartikel wurde mit 1/4 Volumen 20% w/v PEG 8000, 15% w/v NaCl gemischt und für 30 bis 60 min auf Eis inkubiert. Nach Zentrifugation (20 min, 18 500 g, 4°C) wurde der Überstand entfernt und die präzipitierten Phagemidpartikel in insgesamt 1 ml PBS gelöst. Nach Inkubation für 30 min auf Eis wurde die Lösung zentrifugiert (5 min, 18 500 g, 4°C) und der Überstand mit den Phagemidpartikeln direkt für die Affinitätsanreicherung eingesetzt.

Zur Affinitätsanreicherung der die Anticain-Fusionsproteine tragenden rekombinanten Phagemide wurden Immuno-Sticks (NUNC) verwendet. Diese wurden über Nacht mit 800 µl eines Konjugats aus Rinderserum-Albumin (BSA) und 4-Glutaryl-amido-fluorescein (100 µg/ml) in PBS beschichtet.

Zur Herstellung des Konjugats wurde 4-Amino-fluorescein (Fluoresceinamin Isomer I, Fluka) zunächst mit einem fünfzehnfachen molaren Überschuß an Glutarsäureanhydrid bei pH 7,0 gemäß der Arbeitsvorschrift von Ogano et al. (Carbohydrate Res. 105 (1982), 69–85) umgesetzt, um später die sterische Zugänglichkeit der Fluoresceingruppe zu gewährleisten. Das Reaktionsprodukt 4-Glutaryl-amido-fluorescein, welches eine zur Kopplung mit dem BSA geeignete Carbonsäuregruppe an einer aliphatischen Seitenkette trug, wurde anschließend durch Umkristallisieren aus Aceton/Wasser gereinigt. Eine Lösung von 17,3 mg (37,5 µmol) dieser Substanz in 25 µl DMF wurde dann zur Aktivierung mit 4,31 mg (37,5 µmol) N-Hydroxysuccinimid in 25 µl DMF sowie mit 7,2 mg (37,5 µmol) 1-Ethyl-3-(3-dimethylamino-propyl)carbodiimid versetzt. Der Ansatz wurde für 1 h bei Raumtemperatur (RT) inkubiert. 20 µl dieser Lösung wurden mit einer Lösung von 10 mg BSA in 980 µl 5% w/v NaHCO₃ pH 8,1 versetzt und für 3 h bei RT inkubiert. Nach Abtrennung der überschüssigen Reaktanden von dem BSA-Konjugat mittels einer PD-10 Gelfiltrationssäule (Pharmacia) wurde eine Beladung von 8 Molekülen 4-Glutaryl-amido-fluorescein pro BSA-Molekül anhand der Absorption der Fluorescein-gruppe bei 495 nm ($\epsilon = 72\,000\text{ M}^{-1}\text{ cm}^{-1}$) bestimmt.

Unbelegte Bindungsstellen auf der Oberfläche des Immuno-Sticks wurden durch Inkubation mit 1,2 ml 2% w/v BSA in PBST (PBS mit 0,1% v/v Tween 20) für 2 h bei RT abgesättigt. Nach dreimaligem kurzen Waschen mit jeweils 1,2 ml PBST wurde der Immuno-Stick in einer Mischung aus 250 µl der Phagemidlösung und 500 µl Blockierungspuffer (2% w/v BSA in PBST) für 1 h bei RT inkubiert.

Zur Entfernung nicht gebundener Phagemide wurde achtmal (bei der ersten Selektion) bzw. zehnmal (bei den Selektionszyklen 2 bis 6) mit jeweils 950 µl PBST für 2 min gewaschen. Adsorbierte Phagemide wurden schließlich durch 10minütige Behandlung des Immuno-Sticks mit 950 µl 0,1 M Glycin/HCl pH 2,2 eluiert, wobei der pH der Elutionsfraktion sofort anschließend durch Mischen mit 160 µl 0,5 M Tris neutralisiert wurde.

Zur Amplifizierung wurde diese Phagemidlösung (1,1 ml, je nach Selektionszyklus zwischen 106 und 108 Colony-forming Units) kurz auf 37°C erwärmt, mit 4 ml einer exponentiell wachsenden Kultur von E. coli XL1-Blue (OD₅₅₀ = 0,5) gemischt und für 30 min bei 37°C, 200 Upm inkubiert. Die mit den Phagemiden infizierten Zellen wurden anschließend sedimentiert (2 min, 4420 g, 4°C), in 800 µl des Kulturmediums resuspendiert und auf vier Agar-Platten mit LB/Amp-Medium (140 mm Durchmesser) ausplattiert.

Zur wiederholten Produktion und Affinitätsanreicherung von Phagemidpartikeln wurde verfahren, wie zu Beginn dieses Beispiels beschrieben. In diesen Fällen wurde mit 0,2 bis 1 ml der Suspension der auf den Agar-Platten gewachsenen Zellen jeweils 50 ml 2 × YT/Amp-Medium angeimpft. Auf diese Weise wurden fünf weitere Selektionszyklen mit dem BSA-Fluoresceinkonjugat durchgeführt.

Beispiel 3

Produktion der Anticaline

Zur präparativen Produktion der Anticaline wurde die Genkassette zwischen den beiden BstXI-Schnittstellen aus dem pBBP20-Vektor in das Expressionsplasmid pBBP21 subkloniert. Als Kontrolle wurde das auf pBBP21 ursprünglich kodierte Bbp ebenfalls produziert.

Zur Subklonierung wurde aus der Mischung der E.coli-Zellen aus Beispiel 2, die mit den Phagemiden des letzten Selektionszyklus infiziert waren, die Phasmid-DNA unter Verwendung des QIAprep Spin Miniprep Kits (QIAGEN) isoliert. Diese wurde mit dem Restriktionsenzym BstXI geschnitten und das kleinere der beiden Fragmente (335 bp) durch präparative Agarose-Gelelektrophorese wie in Beispiel 1 beschrieben gereinigt. In gleicher Weise wurde die DNA des Vektors pBBP21 mit BstXI geschnitten und das größere der beiden Fragmente (4132 bp) isoliert.

Zur Legierung wurden jeweils 50 fmol der beiden DNA-Fragmente in einem Gesamtvolumen von 20 µl (30 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM MgCl₂, 10 mM DTT, 1 mM ATP) mit 1,5 Weiss Units T4 DNA Ligase (Promega) versetzt und 5 h bei 16°C inkubiert. Mit 5 µl dieses Legierungsansatzes wurde dann E.coli-TG1-F⁻ (E. coli K12 TG1, der durch wiederholte Kultivierung unter nicht selektiven Bedingungen sein Episom verloren hatte) nach der CaCl₂-Methode transformiert (Sambrook et al., supra).

Aus zehn der erhaltenen Kolonien wurde die Plasmid-DNA isoliert und die Legierung durch Restriktionsanalyse mit den Enzymen HindIII und KpnI kontrolliert. Alle zehn Plasmide zeigten die erwarteten Fragmentgrößen von 342 und 4125 bp.

Die Sequenzanalyse der Bbp-Genkassetten erfolgte mit Hilfe des T7 Sequencing Kits (Pharmacia) nach Herstellerangaben unter Verwendung der Oligodesoxynukleotide SEQ ID NO: 8 und SEQ ID NO: 9. Dabei wurden unter den zehn isolierten Plasmiden nur vier verschiedene Sequenzen gefunden, deren Genprodukte als FluA, FluB, FluC und FluD be-

zeichnet wurden. Die DNA-Sequenz von FluA war zweimal, von FluB viermal, von FluC dreimal und von FluD einmal vertreten. Die Nukleotidsequenzen von FluA, FluB und FluC wurden in Aminosäuresequenzen übersetzt, und die vom Bbp abweichenden Aminosäuren sind in Tabelle 1 wiedergegeben.

Zur Untersuchung der Bindungsaktivität der Anticaline in einem ELISA (Beispiel 4) wurde die Proteinproduktion der entsprechenden Klone im 50 ml-Maßstab durchgeführt. Dazu wurden jeweils 4 ml LB/Amp-Medium mit einer Einzelkolonie des TG1-F⁻-Transformanten, der das jeweilige Plasmid trug, angeimpft und über Nacht bei 30°C, 200 Upm inkubiert. 500 µl dieser Vorkultur wurden dann jeweils auf 50 ml LB/Amp-Medium überimpft und bei 22°C, 200 Upm bis zu einer OD₅₅₀ = 0,5 geschüttelt. Anschließend wurde mit 200 µg/l Anhydrotetracyclin (50 µl einer 200 µg/ml-Stammlösung in DMF) induziert und weitere 3 h bei 22°C, 200 Upm geschüttelt. Die Zellen wurden durch Zentrifugation (15 min, 4420 g, 4°C) sedimentiert und jeweils in 1 ml kaltem Periplasma-Aufschlußpuffer (100 mM Tris/HCl pH 8,0, 500 mM Saccharose, 1 mM EDTA) resuspendiert. Nach Zugabe von 25 µl einer Lösung von 1 mg/ml Lysozym in dem Periplasma-Aufschlußpuffer wurde für 30 min auf Eis inkubiert. Die Sphäroplasten wurden durch Zentrifugation (15 min, 18 500 g, 4°C) sedimentiert, und der Überstand wurde als periplasmatischer Proteinextrakt in ein neues Reaktionsgefäß überführt.

Zur Proteinproduktion im größeren Maßstab wurde eine 50 ml-Vorkultur (LB/Amp-Medium) direkt mit einer Einzelkolonie des mit dem entsprechenden Plasmid transformierten TG1-F⁻-Stamms angeimpft und bei 30°C, 200 Upm über Nacht geschüttelt. Im Fall der Anticaline FluA und FluB wurde der E. coli-Stamm JM83 (Yanisch-Perron et al., Gene 33 (1985), 103–119), der kein supE-Gen trägt, verwendet. Die gesamte Vorkultur wurde auf 2 l LB/Amp-Medium in einem 5 l-Erlenmeyerkolben überimpft, woraufhin die Kultur bei 22°C, 200 Upm inkubiert wurde. Bei einer Zelldichte von OD₅₅₀ = 0,5 wurde mit 200 µg/l Anhydrotetracyclin (200 µl einer 2 mg/ml-Stammlösung in DMF) induziert und für weitere 3 h bei 22°C, 200 Upm geschüttelt.

Die Zellen wurden abzentrifugiert (15 min, 4420 g, 4°C) und nach Entfernung des Überstands unter Kühlung auf Eis in 20 ml des Periplasma-Aufschlußpuffers resuspendiert. Nach Zugabe von 50 µg/ml Lysozym (100 µl einer Lösung von 10 mg/ml Lysozym in dem Periplasma-Aufschlußpuffer) wurde für 30 min auf Eis inkubiert. Anschließend wurden die Sphäroplasten in zwei aufeinanderfolgenden Zentrifugationsschritten abgetrennt (15 min, 4420 g, 4°C und 15 min, 30 000 g, 4°C). Der so gewonnene periplasmatische Proteinextrakt wurde gegen CP-Puffer (100 mM Tris/HCl pH 8,0, 150 mM NaCl, 1 mM EDTA) dialysiert, sterilfiltriert und zur chromatographischen Reinigung eingesetzt.

Die Reinigung erfolgte mittels des an den C-Terminus der Lipocalinmoleküle fusionierten Strep-Tag II-Affinitätsanhangsels (Schmidt et al., supra). Im vorliegenden Fall wurde das Streptavidinmolekül "1" eingesetzt (Deutsche Patentanmeldung 196 41 876.3; Voss und Skerra, Protein Eng. 10 (1997), 975–982), welches an eine aktivierte Sepharose (5 mg/ml immobilisiertes Streptavidin, bezogen auf das Bettvolumen der Matrix) gekoppelt war.

Eine mit diesem Material befüllte Chromatographiesäule mit 2 ml Bettvolumen wurde bei 4°C und einer Flußrate von 20 ml/h mit 10 ml CP-Puffer äquilibriert. Die Chromatographie wurde durch Messung der Absorption bei 280 nm des Eluats in einem Durchfluß-Photometer verfolgt. Nach dem Auftragen des periplasmatischen Proteinextrakts wurde bis zum Erreichen der Basislinie mit CP-Puffer gewaschen und das gebundene Anticalin anschließend mit 10 ml einer Lösung von 2,5 mM D-Desthiobiotin (Sigma) in CP-Puffer eluiert. Die Fraktionen, die das gereinigte Anticalin enthielten, wurden mittels der SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese (Fling und Gregerson, Anal. Biochem. 155 (1986), 83–88) überprüft und vereinigt. Die Proteinausbeuten lagen zwischen 200 µg und 3 mg je 2 l Kultur.

DE 197 42 706 A 1

Tabelle 1

Sequenzcharakteristika selektierter Anticaline

Aminosäure- Position	Bbp	FluA	FluB	FluC	HepC1	HepC4	
34	Asn	Ser	Gln	Ser	Lys	Gln ^a	
35	Ser	Pro	His	Lys	Thr	Ala	10
36	Val	Asn	Trp	Asn	Lys	Pro	
37	Glu	Gly	Asp	Gly	Gln ^a	Gly	
58	Asn	Arg	Arg	Arg	Leu	Pro	15
60	His	Asp	Arg	Thr	His	Asn	
69	Ile	Met	His	Gln ^a	Phe	Ala	
88	Leu	Arg	Val	Arg	Val	Trp	20
90	Tyr	Val	Arg	Val	Ala	Gly	
93	Val	Tyr	Arg	Lys	Phe	Leu	
95	Lys	Arg	Arg	Arg	Ser	Ala	25
97	Asn	Thr	Gly	Gly	Gln	Trp	
114	Tyr	Ser	Arg	Arg	Ala	Pro	
116	Lys	Arg	Arg	Arg	Tyr	Arg	30
125	Gln	Trp	Trp	Leu	Val	Leu	
127	Phe	His	His	His	Phe	Pro	
40 ^b	Gly			Arg	Glu		35
68 ^b	Phe			Val			
70 ^b	Glu		Lys				
96 ^b	Glu	Lys					40
100 ^b	Asn				Ser		

^aDiese Glutaminsäurereste wurden von Amber-Stopcodons kodiert.

^bDiese Aminosäuresubstitutionen traten aufgrund zufälliger Mutationen auf.

Beispiel 4

Ermittlung der Affinität der Anticaline für Fluorescein und dessen Derivate

Für den Bindungsnachweis im ELISA (Enzyme-linked Immunosorbent Assay) wurden zunächst die Vertiefungen einer Mikrotiterplatte (Micro Test III Flexible Assay Plate; Falcon) mit je 100 µl einer 100 µg/ml-Lösung des BSA-Fluorescein-Konjugats aus Beispiel 2 in PBS gefüllt und über Nacht bei RT inkubiert. Als Kontrolle diente nicht konjugiertes BSA. Die Lösung wurde entfernt und unbelegte Bindungsstellen wurden mit 200 µl 2% w/v BSA in PBST für 2 h abgesättigt. Nach dreimaligem Waschen mit PBST wurden 100 µl des periplasmatischen Proteineextrakts aus der Produktion im 50 ml-Maßstab (Beispiel 3) in die Vertiefungen gefüllt. Ausgehend von diesen Proteinlösungen wurden Verdünnungsreihen in PBST hergestellt. Nach 1 h Inkubation bei RT wurde erneut dreimal mit PBST gewaschen und ein Streptavidin-Alkalische Phosphatase-Konjugat (Amersham), 1 : 1000 mit PBST verdünnt, in die Vertiefungen gefüllt. Dieses Enzymkonjugat diente zur Erkennung des Strep-Tag II-Anhängsels am C-Terminus der Anticaline. Es wurde für 1 h bei RT inkubiert und anschließend zweimal mit PBST und zweimal mit PBS gewaschen. Der Nachweis der an die Fluoresceingruppen gebundenen Anticaline erfolgte schließlich mittels der durch die Alkalische Phosphatase katalysierten Hydrolyse von p-Nitrophenylphosphat. Dazu wurden 100 µl einer Lösung von 0,5 mg/ml p-Nitrophenylphosphat (Amresco) in AP-Puffer (100 mM NaCl, 5 mM MgCl₂, 100 mM Tris/HCl pH 8,8) in die Vertiefungen gefüllt und die Pro-

duktbildung durch Messung der Absorption bei 405 nm in einem SpectraMax 250-Photometer (Molecular Devices) erfolgt.

Hierbei ließ sich praktisch keine Bindung für FluD und das Bbp nachweisen, während FluA, FluB und FluC intensive Bindungssignale zeigten. Das Signal war in der Relation für FluC am stärksten, gefolgt von FluA und FluB.

Die Liganden-Bindungsseigenschaften der Anticaline wurden daraufhin mittels der Methode der Fluoreszenztitration bestimmt. Gemessen wurde dabei die Abnahme der intrinsischen Tyrosin- und Tryptophan-Fluoreszenz des Proteins bei Komplexbildung mit dem Liganden. Die Messungen erfolgten mit einem Fluoreszenzphotometer (MS III, Photon Technology International Inc.) bei einer Anregungswellenlänge von 280 nm (Spaltbreite 5 nm) und einer Emissionswellenlänge von 340 nm (Spaltbreite 10 nm). Als Liganden wurden Fluorescein, 4-Amino-fluorescein sowie dessen Konjugat mit Glutarsäure aus Beispiel 2 eingesetzt. Diese drei Liganden zeigten bei den angegebenen Wellenlängen keine signifikante Eigenfluoreszenz.

Als Puffersystem diente PBS unter Zusatz von 1 mM EDTA mit pH 7,4 (mit NaOH eingestellt). Alle verwendeten Lösungen wurden sterilfiltriert (0,45 µm). Die Lösung des jeweiligen gereinigten Anticalins aus Beispiel 3 wurde dreimal gegen diesen Puffer dialysiert und durch Verdünnen auf eine Konzentration von 1 µM eingestellt. Die Konzentrationsbestimmung erfolgte mittels der Absorption bei 280 nm unter Verwendung kalkulatorischer Extinktionskoeffizienten von 63 680 M⁻¹ cm⁻¹ für FluB sowie 52 300 M⁻¹ cm⁻¹ für FluC. Für FluA und Bbp wurden die nach Gill und von Hippel (Anal. Biochem. 182 (1989), 319–326) in Gegenwart von Guanidiniumchlorid korrigierten kalkulatorischen Extinktionskoeffizienten von 59 755 M⁻¹ cm⁻¹ (FluA) sowie 54 150 M⁻¹ cm⁻¹ (Bbp) verwendet.

Zur Messung wurde 2 ml der Anticalinlösung in einer Quarzküvette, die mit einem Rührfisch ausgestattet war, vorgelegt und im Probenhalter des Photometers auf 25°C temperiert. Anschließend wurden insgesamt 40 µl einer 250 µM bis 1 mM Lösung des Liganden in demselben Puffer in Schritten von 1 µl bis 4 µl zupipettiert. Die dabei stattfindende Verdünnung der vorgelegten Proteinlösung um maximal 2% blieb bei der nachfolgenden Auswertung der Daten unberücksichtigt. Nach jedem Titrationsschritt wurde zur Gleichgewichtseinstellung für 1 min unter Rühren inkubiert und das Fluoreszenzsignal als Mittelwert über 10 s gemessen. Nach Abzug des Fluoreszenzwertes für den Puffer wurden die Signale auf einen Anfangswert von 100% normiert und um den inneren Filtereffekt der Liganden korrigiert. Dazu wurden Fluoreszenztitrationen mit dem jeweiligen Ligand durchgeführt, bei denen die Anticalin-Lösung durch N-Acetyl-L-tryptophanamid (Sigma) ersetzt war.

Die so erhaltenen Meßwerte einer Titrationsreihe wurden gemäß folgender Formel durch nicht-lineare Regression mit Hilfe des Computerprogramms Kaleidagraph (Abelbeck Software) angepaßt:

$$F = ([P]_i - [L]_i - K_d) \frac{f_P}{2} + ([P]_i + [L]_i + K_d) \frac{f_{PL}}{2} + (f_P - f_{PL}) \sqrt{\frac{([P]_i + [L]_i + K_d)^2}{4} - [P]_i [L]_i}$$

Dabei bedeuten F die normierte Fluoreszenzintensität und [P]_i die Konzentration des Anticalins. [L]_i ist die Gesamtkonzentration des Liganden bei dem jeweiligen Titrationsschritt. f_{PL} und K_d wurden als freie Parameter an die gemessenen Daten angepaßt und stehen für den Fluoreszenzkoeffizienten des Anticalin-Ligandkomplexes sowie für die thermodynamische Dissoziationskonstante dieses Komplexes. Im Fall von FluC wurde zusätzlich [P]_i als freier Parameter angepaßt. Die ermittelten Dissoziationskonstanten für die Anticaline FluA, FluB und FluC sind in Tabelle 2 wiedergegeben. Der Bindungseffekt bei der Vergleichsmessung mit Bbp war so schwach, daß eine Dissoziationskonstante in diesem Fall nicht bestimmt werden konnte.

Tabelle 2

Dissoziationskonstanten für die Komplexe aus Anticalinen und Fluoresceinderivaten

	Fluorescein	4-Amino-fluorescein	4-Glutarylaminodifluorescein
FluA	118 ± 14 nM	224 ± 6 nM	601 ± 16 nM
FluB	5,73 ± 0,86 µM	2,84 ± 0,3 µM	4,70 ± 0,51 µM
FluC	411 ± 20 nM	299 ± 41 nM	78 ± 3 nM

Beispiel 5

Selektion von Anticalinen gegen ein Hepatitis C-Peptidpitop

Zur Selektion der Anticaline wurde die in Beispiel 1 hergestellte Bibliothek verwendet. Die Vermehrung und Isolierung der Phagemide erfolgte genauso wie in Beispiel 2 beschrieben.

Als Peptidligand wurde ein biotinyliertes synthetisches Hepatitis C-Peptidpitop eingesetzt, bei dem es sich um das Peptidfragment Nr. 59 aus dem Oberflächenprotein NS4 von HCV handelte (Khudyakow et al., Virology 206 (1995), 666–672). Das Peptid, SEQ ID NO: 13, wurde nach der üblichen Fmoc-Methode mittels eines PS3 Automaten (RAININ Instrument Co.) synthetisiert, wobei Rink Amid MBHA-Harz (novabiochem) eingesetzt wurde. Im Anschluß an die Kopplung der Aminosäurebausteine vom C- zum N-Terminus wurde Aminocaprinsäure als Boc-geschütztes Derivat und im letzten Schritt D-Biotin (Sigma) gekoppelt. Das vom Harz abgespaltene und entschwächte Peptid wurde mittels

HPLC gereinigt, und seine Zusammensetzung wurde durch ESI-Massenspektrometrie überprüft.

Zur Affinitätsanreicherung der die Anticalin-Fusionsproteine tragenden rekombinanten Phagemide wurden mit Streptavidin beschichtete superparamagnetische Partikel (Dynabeads M-280 Streptavidin, Dynal) verwendet. Die Menge des Peptidliganden wurde so eingestellt, daß dieser einerseits im molaren Überschuß gegenüber den eingesetzten Phagemiden vorlag, und daß andererseits die Bindekapazität des Streptavidins für die Biotingruppen nicht überschritten wurde.

Dazu wurden 20 µl der Peptidlösung (20 µg/ml in PBS) mit 280 µl einer Lösung der frisch präparierten Phagemide ($3,0 \cdot 10^{12}$ cfu/ml) gemischt und für 1 h bei RT inkubiert, woraufhin 100 µl einer Lösung von 8% w/v BSA, 0,4% v/v Tween 20 in PBS zugegeben wurde. Parallel wurden 100 µl der kommerziell erhältlichen Suspension der magnetischen Partikel dreimal mit jeweils 100 µl PBS gewaschen und zur Absättigung unspezifischer Bindungsstellen mit 100 µl 2% w/v BSA in PBST für 1 h bei RT inkubiert. Nach Entfernung des Überstandes wurden die magnetischen Partikel mit der Peptid/Phagemidmischung versetzt, resuspendiert und für 10 min bei RT inkubiert. Zur Absättigung freier Biotin-Bindungsstellen des Streptavidins wurde die Mischung schließlich mit 10 µl einer Lösung von 4 µM Desthiobiotin in PBS versetzt und für 5 min bei RT inkubiert.

Zur Entfernung nicht gebundener Phagemide wurden die magnetischen Partikel achtmal mit jeweils 1 ml PBST, 0,1 µM Desthiobiotin gewaschen. Dazu wurden die magnetischen Partikel mit Hilfe eines Magneten an der Wand des 1,5 ml Eppendorfgefäßes gesammelt und der Überstand abgezogen. Danach wurden die magnetischen Partikel mit frischem Puffer resuspendiert und für 1 min durch Rotation des Gefäßes in Suspension gehalten. Die Elution der gebundenen Phagemide erfolgte durch 10minütige Inkubation der resuspendierten Partikel in 950 µl 0,1 M Glycin/HCl pH 2,2. Der pH-Wert der Lösung wurde im Anschluß daran sofort durch Zugabe von 160 µl 0,5 M Tris neutralisiert.

Anschließend wurden die eluierten Phagemide wie in Beispiel 2 beschrieben vermehrt und für eine erneute Affinitätsselektion unter den oben angegebenen Bedingungen eingesetzt. Insgesamt wurden 6 Selektionszyklen durchgeführt.

Beispiel 6

Identifizierung peptidbindender Anticaline mittels der "Colony Screening"-Methode

Zur analytischen Produktion der Anticaline als Fusionsprotein mit dem Strep-Tag II sowie der Albumin-Bindungsdomäne und deren Charakterisierung durch "Colony Screening" wurde die Genkassette zwischen den beiden BstXI-Schnittstellen aus dem Vektor pBBP20 in pBBP22 subkloniert.

Dazu wurde aus der Mischung der E.coli-Klone, die durch Infektion mit den im letzten Selektionszyklus eluierten Phagemiden aus Beispiel 6 erhalten worden waren, die Plasmid-DNA unter Verwendung des QIAprep Spin Miniprep Kits (QIAGEN) isoliert. Die DNA wurde mit dem Restriktionsenzym BstXI geschnitten und das kleinere der beiden Fragmente (335 bp) durch präparative Agarose-Gelelektrophorese wie in Beispiel 1 beschrieben gereinigt. In gleicher Weise wurde die DNA des Vektors pBBP22 mit BstXI geschnitten und das größere der beiden Fragmente (3545 bp) isoliert.

Zur Legierung wurden jeweils 50 fmol der beiden DNA-Fragmente in einem Gesamtvolumen von 20 µl (30 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM MgCl₂, 10 mM DTT, 1 mM ATP) mit 1,5 Weiss Units T4 DNA Ligase (Promega) versetzt und über Nacht bei 16°C inkubiert. Mit 5 µl dieses Legierungsansatzes wurde E.coli TG1-F⁻ nach der CaCl₂-Methode transformiert.

Auf eine LB/Amp-Agarplatte wurde eine passend zurechtgeschnittene, an einer Stelle markierte hydrophile PVDF-Membran (Millipore, Typ GVWP, Porengröße 0,22 µm) aufgelegt und auf dieser Membran 150 µl der Zellsuspension aus dem Transformationsansatz gleichmäßig ausplattiert. Die Menge des ausplattierten Transformationsansatzes war so bemessen, daß ca. 500 Kolonien erhalten wurden. Die Platte wurde für 6,5 h bei 37°C im Brutschrank inkubiert, bis die Kolonien eine mit dem Auge gut erkennbare Größe erreicht hatten.

In der Zwischenzeit wurde eine ebenfalls passend zurechtgeschnittene hydrophobe Membran (Millipore, Immobilon P, Porengröße 0,45 µm) nach den Angaben des Herstellers mit PBS angefeuchtet. Anschließend wurde sie für 4 h bei RT in einer Lösung von 10 mg/ml Human-Serumalbumin (HSA, Sigma) in PBS geschwenkt. Verbliebene Bindungsstellen auf der Membran wurden durch Inkubation mit 3% w/v BSA, 0,5% v/v Tween 20 in PBS für 2 h bei RT abgesättigt. Die Membran wurde zweimal für jeweils 10 min mit 20 ml PBS gewaschen und danach für 10 min in 10 ml LB/Amp-Medium, dem 200 µg/l Anhydrotetracyclin zugesetzt war, geschwenkt. Anschließend wurde sie an einer Stelle markiert und auf eine Kulturplatte mit LB/Amp-Agar, der zusätzlich 200 µg/l Anhydrotetracyclin enthielt, gelegt. Die mit den Kolonien bewachsene hydrophile Membran wurde so auf die hydrophobe Membran aufgelegt, daß die beiden Markierungen zur Deckung kamen. Die Kulturplatte mit den beiden Membranen wurde bei 22°C für 15 h inkubiert. Während dieser Phase wurden die jeweiligen Lipocalinmoleküle von den Kolonien sekretiert und mittels der Albumin-Bindungsdomäne an dem HSA auf der unteren Membran immobilisiert.

Danach wurde die obere Membran mit den Kolonien auf eine frische LB/Amp-Agarplatte transferiert und bei 4°C aufbewahrt. Die hydrophile Membran wurde abgenommen, dreimal für jeweils 10 min mit 20 ml PBST gewaschen und anschließend 1 h in 10 ml einer Lösung von 1 µM SEQ ID NO: 13 in PBST inkubiert. Nach zweimaligem Waschen in PBST wurde für 1 h mit 10 ml Avidin-Alkalische Phosphatase-Konjugat (ExtrAvidin-AP-Konjugat, Sigma, 1 : 1000 verdünnt in PBST) inkubiert. Die Membran wurde anschließend für jeweils 5 min zweimal mit PBST und zweimal mit PBS gewaschen und für 10 min in AP-Puffer (0,1 M Tris/HCl pH 8,8, 0,1 M NaCl, 5 mM Mg₂Cl) geschwenkt. Zur chromogenen Nachweisreaktion wurde die Membran in 10 ml AP-Puffer, dem 30 µl BCIP (50 µg/ml in Dimethylformamid) und 5 µl NBT (75 µg/ml in 70% v/v Dimethylformamid) zugesetzt waren, inkubiert, bis an den Positionen einiger der Kolonien deutliche Farbsignale zu erkennen waren. Auf diese Weise wurde die Bindungsaktivität der von diesen Kolonien produzierten Anticaline für den Peptidliganden nachgewiesen.

Acht dieser Kolonien wurden kultiviert. Ihre Plasmid-DNA wurde isoliert und die Bbp-Genkassette einer Sequenzanalyse wie in Beispiel 3 unterzogen. Alle Klone wiesen dabei unterschiedliche Sequenzen auf. Die charakteristischen Aminosäuren der Anticaline HepC1 und HepC4 sind in Tabelle 1 angegeben.

Verwendung der Anticaline zum Nachweis des Hepatitis C-Peptidepitops in einem Sandwich-ELISA

5 Ausgehend von den in Beispiel 6 gefundenen Klonen wurden die entsprechenden Anticaline als Fusionsproteine mit dem Strep-Tag II und der Albumin-Bindungsdomäne produziert. Die Genexpression erfolgte im 50 ml-Maßstab. Dazu wurden jeweils 4 ml LB/Amp-Medium mit einer Einzelkolonie von TG1-F⁻, die das jeweilige Plasmid trug, angeimpft und über Nacht bei 30°C, 200 Upm inkubiert. 500 µl dieser Vorkultur wurden dann jeweils auf 50 ml LB/Amp-Medium überimpft und bei 22°C, 200 Upm bis zu einer OD₅₅₀ = 0,5 geschüttelt. Anschließend wurde mit 200 µg/l Anhydrotetracyclin (50 µl einer 200 µg/ml-Stammlösung in DMF) induziert und weitere 3 h bei 22°C, 200 Upm geschüttelt. Die Zellen wurden durch Zentrifugation (15 min, 4420 g, 4°C) sedimentiert und jeweils in 1 ml kaltem Periplasma-Aufschlußpuffer (100 mM Tris/HCl pH 8,0, 500 mM Saccharose, 1 mM EDTA) resuspendiert. Nach Zugabe von 25 µl einer Lösung von 1 mg/ml Lysozym in dem Periplasma-Aufschlußpuffer wurde für 30 min auf Eis inkubiert. Die Sphäroplasten wurden durch Zentrifugation (15 min, 18 500 g, 4°C) sedimentiert, und der Überstand wurde als periplasmatischer Proteinextrakt in ein neues Reaktionsgefäß überführt.

15 Für den ELISA wurden die Vertiefungen einer Mikrotiterplatte (ELISA-STRIP, 2 × 8 Well, KO, F-Form, Bindekapazität hoch, Greiner) mit jeweils 200 µl einer Lösung von 20 mg/ml HSA in 50 mM NaHCO₃ pH 9,6 gefüllt und für 1 h bei RT inkubiert. Nach Entfernen der Lösung wurden unbelegte Bindungsstellen mit 200 µl 3% w/v BSA in PBS mit 0,5% v/v Tween 20 für 1 h abgesättigt. Nach dreimaligem Waschen mit PBST wurde jeweils in die erste Vertiefung einer Reihe 50 µl des unverdünnten periplasmatischen Proteinextrakts gefüllt. In den darauffolgenden Vertiefungen jeder Reihe wurde zunächst je 50 µl PBS vorgelegt. Anschließend wurde jeweils in die zweite Vertiefung 50 µl des periplasmatischen Proteinextrakts pipettiert, gemischt und davon ausgehend in den weiteren Vertiefungen der Reihe schrittweise 1 : 2-Verdünnungen zubereitet. Als Kontrolle diente der periplasmatische Proteinextrakt mit dem Bbp, der unter Verwendung von pBBP22 als Expressionsplasmid hergestellt worden war.

25 Nach 1 h Inkubation bei RT wurde erneut dreimal mit PBST gewaschen und anschließend jeweils 200 µl der Ligandenlösung (SEQ ID NO: 13, 1 µM in PBST) in die Vertiefung pipettiert. Nach 1 h Inkubation bei RT wurde dreimal mit PBST gewaschen und danach 50 µl Avidin-Alkalische Phosphatase-Konjugat (ExtrAvidin-AP-Konjugat, Sigma), 1 : 1000 verdünnt in PBST, in jede Vertiefung gefüllt. Es wurde erneut für 1 h bei RT inkubiert und anschließend zweimal mit PBST und zweimal mit PBS gewaschen. Der Nachweis der gebundenen Anticaline erfolgte mittels chromogener Reaktion in Gegenwart von p-Nitrophenylphosphat. Dazu wurden 100 µl einer Lösung von 0,5 mg/ml p-Nitrophenylphosphat (Amresco) in AP-Puffer in jede Vertiefung gefüllt und die Produktbildung durch Messung der Absorption bei 405 nm in einem SpectraMax 250-Photometer (Molecular Devices) als dA/dt-Wert gemessen.

30 Im Fall des Bbp ließen sich nur niedrige Signale nachweisen, während alle analysierten Anticaline eindeutige Bindung zeigten. Das Signal war für HepC1 am stärksten, gefolgt von HepC4. Die Bindungskurven für HepC1, HepC4 und Bbp sind in Fig. 7 dargestellt.

DE 197 42 706 A 1

Sequenzprotokoll

ALLGEMEINE ANGABEN:

ANMELDER:

NAME: Prof. Dr. Arne Skerra

STRASSE: Gruener Weg 3

ORT: Darmstadt

LAND: Deutschland

POSTLEITZAHL: 64283

TELEFON: 06151-163175

TELEFAX: 06151-164349

BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Anticaline

ANZAHL DER SEQUENZEN: 13

COMPUTERLESBARE FASSUNG:

DATENTRÄGER: Diskette

COMPUTER: IBM PC-kompatibel

BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Microsoft Word, Format Text

DATEN DER JETZIGEN ANMELDUNG:

ANMELDENUMMER: noch nicht bekannt

ANMELDETAG: noch nicht bekannt

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:1:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 64 Basen

ART: Nucleinsäure

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:1:

DE 197 42 706 A 1

CCATGGTAAA TGGTGGGAAG TCGCCAAATA CCCCNKNMS NNSNNKAAGT 50
ACGGAAAGTG CGGA 64

5

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:2:

10 SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 71 Basen

ART: Nucleinsäure

15 STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

20

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:2:

25 GGGTAGGCGG TACCTTCSNN AAAGTATTCC TTGCCGTGGA TTACMNGTA 50
SNNCGAACT TTGACACTCT T 71

30

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:3:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

35

LÄNGE: 74 Basen

ART: Nucleinsäure

STRANGFORM: Einzelstrang

40

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

45

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:3:

50 CCAAGATTGG AAAGATCTAC CACAGCNNSA CTNNKGGAGG TNNSACCVVS 50
GAGNNKGAT TCAACGTACT CTCC 74

55

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:4:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

60

LÄNGE: 78 Basen

ART: Nucleinsäure

STRANGFORM: Einzelstrang

65

TOPOLOGIE: linear

DE 197 42 706 A 1

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:4:

5

TCTGGAGAGC ACCCAGACMN NGTCSNNGTG TCCCTTCTTG TCCTCGTCGT 50
ASNNGCAMNN GTATCCGATG ATGTAGTT 78

10

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:5:

15

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 46 Basen

ART: Nucleinsäure

20

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

25

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:5:

30

AGATCTTTCC AATCTTGGAG TCACCAACTG GGTAGGCGGT ACCTTC 46

35

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:6:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 36 Basen

ART: Nucleinsäure

40

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

45

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

50

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:6:

CTTCGACTGG TCCCAGTACC ATGGTAAATG GTGGGA 36

55

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:7:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 37 Basen

ART: Nucleinsäure

60

65

DE 197 42 706 A 1

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

5 ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:7:

10

CACCAGTAAG GACCATGCTT CTGGAGAGCA CCCAGAC 37

15 ANGABEN ZU SEQ ID-NO:8:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

20

LÄNGE: 17 Basen

ART: Nucleinsäure

STRANGFORM: Einzelstrang

25

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

30

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:8:

GACGGTGCCT GTCCCGA 17

35

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:9:

40

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

LÄNGE: 17 Basen

ART: Nucleinsäure

45

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Oligodesoxynukleotid

50

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:9:

55

GACTACTGGG GAGCCGA 17

60 ANGABEN ZU SEQ ID-NO:10:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

65

LÄNGE: 1219 Basenpaare

DE 197 42 706 A 1

ART: Nucleinsäure
STRANGFORM: Doppelstrang
TOPOLOGIE: linear 5
ART DES MOLEKÜLS: Fragment des Plasmids pBBP20

MERKMAL: 10
NAME/SCHLÜSSEL: Signalpeptid
LAGE: (22..84) 15

MERKMAL:
NAME/SCHLÜSSEL: reifes Peptid
LAGE: (85..1209) 20
SONSTIGE ANGABEN:
/Produkt="Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein,
Strep-Tag II und Fragment des Phagen- 25
Hüllproteins pIII"
/Codon=(Sequenz:"TAG", Aminosäure:Gln) 30

MERKMAL:
NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz 35
LAGE: (85..606)
SONSTIGE ANGABEN:
/Produkt="matures Bilin-Bindungsprotein" 40

MERKMAL:
NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz 45
LAGE: (607..636)
SONSTIGE ANGABEN:
/Produkt="Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel" 50

MERKMAL:
NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz 55
LAGE: (637..639)
SONSTIGE ANGABEN:
/Sonstiges="Amber-Stopcodon" 60

MERKMAL:
NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz 65

DE 197 42 706 A 1

LAGE: (640..1209)

SONSTIGE ANGABEN:

5 /Produkt="Aminosäuren 217-406 des Hüllproteins pIII"

SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:10:

```

10 TCTAGTTAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT      45
    Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile
    -21 -20 -15

15 GCA GTG GCA CTG GCT GGT TTC GCT ACC GTA GCG CAG GCC GAC GTG 90
    Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala Thr Val Ala Gln Ala Asp Val
    -10 -5 -1 1

20 TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC AAC TTC 135
    Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp Asn Phe
    5 10 15

25 GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG GAA GTC GCC AAA TAC 180
    Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Glu Val Ala Lys Tyr
    20 25 30

30 CCC AAC TCA GTT GAG AAG TAC GGA AAG TGC GGA TGG GCT GAG TAC 225
    Pro Asn Ser Val Glu Lys Tyr Gly Lys Cys Gly Trp Ala Glu Tyr
    35 40 45

35 ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG AAC TAC CAC GTA ATC 270
    Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Asn Tyr His Val Ile
    50 55 60

40 CAC GGC AAG GAA TAC TTT ATT GAA GGA ACT GCC TAC CCA GTT GGT 315
    His Gly Lys Glu Tyr Phe Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Pro Val Gly
    65 70 75

45 GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC CTG ACT TAC GGA GGT 360
    Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Leu Thr Tyr Gly Gly
    80 85 90

50 GTC ACC AAG GAG AAC GTA TTC AAC GTA CTC TCC ACT GAC AAC AAG 405
    Val Thr Lys Glu Asn Val Phe Asn Val Leu Ser Thr Asp Asn Lys
    95 100 105

55 AAC TAC ATC ATC GGA TAC TAC TGC AAA TAC GAC GAG GAC AAG AAG 450
    Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Tyr Cys Lys Tyr Asp Glu Asp Lys Lys
    110 115 120

60 GGA CAC CAA GAC TTC GTC TGG GTG CTC TCC AGA AGC ATG GTC CTT 495
    Gly His Gln Asp Phe Val Trp Val Leu Ser Arg Ser Met Val Leu
    125 130 135

65 ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC CTT ATC GGC TCC 540
    Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr Leu Ile Gly Ser
    140 145 150

```

DE 197 42 706 A 1

CCA	GTA	GTC	GAC	TCC	CAG	AAA	CTG	GTA	TAC	AGT	GAC	TTC	TCT	GAA	585	
Pro	Val	Val	Asp	Ser	Gln	Lys	Leu	Val	Tyr	Ser	Asp	Phe	Ser	Glu		
		155					160					165				5
GCC	GCC	TGC	AAG	GTC	AAC	AAT	AGC	AAC	TGG	TCT	CAC	CCG	CAG	TTC	630	
Ala	Ala	Cys	Lys	Val	Asn	Asn	Ser	Asn	Trp	Ser	His	Pro	Gln	Phe		
		170					175					180				10
GAA	AAA	TAG	GCT	GGC	GGC	GGC	TCT	GGT	GGT	GGT	TCT	GGC	GGC	GGC	675	
Glu	Lys	Gln	Ala	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly		
		185					190					195				
TCT	GAG	GGT	GGT	GGC	TCT	GAG	GGT	GGC	GGT	TCT	GAG	GGT	GGC	GGC	720	
Ser	Glu	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Gly	Gly	Gly		15
		200					205					210				
TCT	GAG	GGA	GGC	GGT	TCC	GGT	GGT	GGC	TCT	GGT	TCC	GGT	GAT	TTT	765	
Ser	Glu	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Asp	Phe		20
		215					220					225				
GAT	TAT	GAA	AAG	ATG	GCA	AAC	GCT	AAT	AAG	GGG	GCT	ATG	ACC	GAA	810	
Asp	Tyr	Glu	Lys	Met	Ala	Asn	Ala	Asn	Lys	Gly	Ala	Met	Thr	Glu		25
		230					235					240				
AAT	GCC	GAT	GAA	AAC	GCG	CTA	CAG	TCT	GAC	GCT	AAA	GGC	AAA	CTT	855	
Asn	Ala	Asp	Glu	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Asp	Ala	Lys	Gly	Lys	Leu		30
		245					250					255				
GAT	TCT	GTC	GCT	ACT	GAT	TAC	GGT	GCT	GCT	ATC	GAT	GGT	TTC	ATT	900	
Asp	Ser	Val	Ala	Thr	Asp	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ile	Asp	Gly	Phe	Ile		35
		260					265					270				
GGT	GAC	GTT	TCC	GGC	CTT	GCT	AAT	GGT	AAT	GGT	GCT	ACT	GGT	GAT	945	
Gly	Asp	Val	Ser	Gly	Leu	Ala	Asn	Gly	Asn	Gly	Ala	Thr	Gly	Asp		40
		275					280					285				
TTT	GCT	GGC	TCT	AAT	TCC	CAA	ATG	GCT	CAA	GTC	GGT	GAC	GGT	GAT	990	
Phe	Ala	Gly	Ser	Asn	Ser	Gln	Met	Ala	Gln	Val	Gly	Asp	Gly	Asp		45
		290					295					300				
AAT	TCA	CCT	TTA	ATG	AAT	AAT	TTC	CGT	CAA	TAT	TTA	CCT	TCC	CTC	1035	
Asn	Ser	Pro	Leu	Met	Asn	Asn	Phe	Arg	Gln	Tyr	Leu	Pro	Ser	Leu		50
		305					310					315				
CCT	CAA	TCG	GTT	GAA	TGT	CGC	CCT	TTT	GTC	TTT	GGC	GCT	GGT	AAA	1080	
Pro	Gln	Ser	Val	Glu	Cys	Arg	Pro	Phe	Val	Phe	Gly	Ala	Gly	Lys		
		320					325					330				55
CCA	TAT	GAA	TTT	TCT	ATT	GAT	TGT	GAC	AAA	ATA	AAC	TTA	TTC	CGT	1125	
Pro	Tyr	Glu	Phe	Ser	Ile	Asp	Cys	Asp	Lys	Ile	Asn	Leu	Phe	Arg		
		335					340					345				
GGT	GTC	TTT	GCG	TTT	CTT	TTA	TAT	GTT	GCC	ACC	TTT	ATG	TAT	GTA	1170	
Gly	Val	Phe	Ala	Phe	Leu	Leu	Tyr	Val	Ala	Thr	Phe	Met	Tyr	Val		60
		350					355					360				
																65

DE 197 42 706 A 1

TTT TCT ACG TTT GCT AAC ATA CTG CGT AAT AAG GAG TCT	1209
Phe Ser Thr Phe Ala Asn Ile Leu Arg Asn Lys Glu Ser	
365 370 375	

5 TAATAAGCTT 1219

10 ANGABEN ZU SEQ ID-NO:11:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

15 LÄNGE: 1380 Basenpaare
 ART: Nucleinsäure
 STRANGFORM: Doppelstrang
 20 TOPOLOGIE: linear
 ART DES MOLEKÜLS: Fragment des Plasmids pBBP21

25 MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: Signalpeptid
 LAGE: (22..84)

30

MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: reifes Peptid
 35 LAGE: (85..636)
 SONSTIGE ANGABEN:
 /Produkt="Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein und
 40 Strep-Tag II"

MERKMAL:

45 NAME/SCHLÜSSEL: Signalpeptid
 LAGE: (658..717)

50 MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: reifes Peptid
 LAGE: (718..1365)
 55 SONSTIGE ANGABEN:
 /Produkt="DsbC-Protein"

60 SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:11:

TCTAGATAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT 45
Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile
-21 -20 -15

65

DE 197 42 706 A 1

GCA	GTG	GCA	CTG	GCT	GGT	TTC	GCT	ACC	GTA	GCG	CAG	GCC	GAC	GTG	90	
Ala	Val	Ala	Leu	Ala	Gly	Phe	Ala	Thr	Val	Ala	Gln	Ala	Asp	Val		
			-10					-5				-1	1			5
TAC	CAC	GAC	GGT	GCC	TGT	CCC	GAA	GTC	AAG	CCA	GTC	GAC	AAC	TTC	135	
Tyr	His	Asp	Gly	Ala	Cys	Pro	Glu	Val	Lys	Pro	Val	Asp	Asn	Phe		
		5					10					15				10
GAC	TGG	TCC	CAG	TAC	CAT	GGT	AAA	TGG	TGG	GAA	GTC	GCC	AAA	TAC	180	
Asp	Trp	Ser	Gln	Tyr	His	Gly	Lys	Trp	Trp	Glu	Val	Ala	Lys	Tyr		
		20					25					30				15
CCC	AAC	TCA	GTT	GAG	AAG	TAC	GGA	AAG	TGC	GGA	TGG	GCT	GAG	TAC	225	
Pro	Asn	Ser	Val	Glu	Lys	Tyr	Gly	Lys	Cys	Gly	Trp	Ala	Glu	Tyr		
		35					40					45				20
ACT	CCT	GAA	GGC	AAG	AGT	GTC	AAA	GTT	TCG	AAC	TAC	CAC	GTA	ATC	270	
Thr	Pro	Glu	Gly	Lys	Ser	Val	Lys	Val	Ser	Asn	Tyr	His	Val	Ile		
		50					55					60				25
CAC	GGC	AAG	GAA	TAC	TTT	ATT	GAA	GGA	ACT	GCC	TAC	CCA	GTT	GGT	315	
His	Gly	Lys	Glu	Tyr	Phe	Ile	Glu	Gly	Thr	Ala	Tyr	Pro	Val	Gly		
		65					70					75				30
GAC	TCC	AAG	ATT	GGA	AAG	ATC	TAC	CAC	AGC	CTG	ACT	TAC	GGA	GGT	360	
Asp	Ser	Lys	Ile	Gly	Lys	Ile	Tyr	His	Ser	Leu	Thr	Tyr	Gly	Gly		
		80					85					90				35
GTC	ACC	AAG	GAG	AAC	GTA	TTC	AAC	GTA	CTC	TCC	ACT	GAC	AAC	AAG	405	
Val	Thr	Lys	Glu	Asn	Val	Phe	Asn	Val	Leu	Ser	Thr	Asp	Asn	Lys		
		95					100					105				40
AAC	TAC	ATC	ATC	GGA	TAC	TAC	TGC	AAA	TAC	GAC	GAG	GAC	AAG	AAG	450	
Asn	Tyr	Ile	Ile	Gly	Tyr	Tyr	Cys	Lys	Tyr	Asp	Glu	Asp	Lys	Lys		
		110					115					120				45
GGA	CAC	CAA	GAC	TTC	GTC	TGG	GTG	CTC	TCC	AGA	AGC	ATG	GTC	CTT	495	
Gly	His	Gln	Asp	Phe	Val	Trp	Val	Leu	Ser	Arg	Ser	Met	Val	Leu		
		125					130					135				50
ACT	GGT	GAA	GCC	AAG	ACC	GCT	GTC	GAG	AAC	TAC	CTT	ATC	GGC	TCC	540	
Thr	Gly	Glu	Ala	Lys	Thr	Ala	Val	Glu	Asn	Tyr	Leu	Ile	Gly	Ser		
		140					145					150				55
CCA	GTA	GTC	GAC	TCC	CAG	AAA	CTG	GTA	TAC	AGT	GAC	TTC	TCT	GAA	585	
Pro	Val	Val	Asp	Ser	Gln	Lys	Leu	Val	Tyr	Ser	Asp	Phe	Ser	Glu		
		155					160					165				60
GCC	GCC	TGC	AAG	GTC	AAC	AAT	AGC	AAC	TGG	TCT	CAC	CCG	CAG	TTC	630	
Ala	Ala	Cys	Lys	Val	Asn	Asn	Ser	Asn	Trp	Ser	His	Pro	Gln	Phe		
		170					175					180				65
GAA	AAA	TAATAAGCTT	CGGGAAGATT	T	ATG	AAG	AAA	GGT	TTT	ATG	675					
Glu	Lys				Met	Lys	Lys	Gly	Phe	Met						
					-20					-15						

DE 197 42 706 A 1

	TTG	TTT	ACT	TTG	TTA	GCG	GCG	TTT	TCA	GGC	TTT	GCT	CAG	GCT	GAT	720
	Leu	Phe	Thr	Leu	Leu	Ala	Ala	Phe	Ser	Gly	Phe	Ala	Gln	Ala	Asp	
				-10						-5				-1	1	
5	GAC	GCG	GCA	ATT	CAA	CAA	ACG	TTA	GCC	AAA	ATG	GGC	ATC	AAA	AGC	765
	Asp	Ala	Ala	Ile	Gln	Gln	Thr	Leu	Ala	Lys	Met	Gly	Ile	Lys	Ser	
				5					10					15		
10	AGC	GAT	ATT	CAG	CCC	GCG	CCT	GTA	GCT	GGC	ATG	AAG	ACA	GTT	CTG	810
	Ser	Asp	Ile	Gln	Pro	Ala	Pro	Val	Ala	Gly	Met	Lys	Thr	Val	Leu	
				20					25					30		
15	ACT	AAC	AGC	GGC	GTG	TTG	TAC	ATC	ACC	GAT	GAT	GGT	AAA	CAT	ATC	855
	Thr	Asn	Ser	Gly	Val	Leu	Tyr	Ile	Thr	Asp	Asp	Gly	Lys	His	Ile	
				35					40					45		
20	ATT	CAG	GGG	CCA	ATG	TAT	GAC	GTT	AGT	GGC	ACG	GCT	CCG	GTC	AAT	900
	Ile	Gln	Gly	Pro	Met	Tyr	Asp	Val	Ser	Gly	Thr	Ala	Pro	Val	Asn	
				50					55					60		
25	GTC	ACC	AAT	AAG	ATG	CTG	TTA	AAG	CAG	TTG	AAT	GCG	CTT	GAA	AAA	945
	Val	Thr	Asn	Lys	Met	Leu	Leu	Lys	Gln	Leu	Asn	Ala	Leu	Glu	Lys	
				65					70					75		
30	GAG	ATG	ATC	GTT	TAT	AAA	GCG	CCG	CAG	GAA	AAA	CAC	GTC	ATC	ACC	990
	Glu	Met	Ile	Val	Tyr	Lys	Ala	Pro	Gln	Glu	Lys	His	Val	Ile	Thr	
				80					85					90		
35	GTG	TTT	ACT	GAT	ATT	ACC	TGT	GGT	TAC	TGC	CAC	AAA	CTG	CAT	GAG	1035
	Val	Phe	Thr	Asp	Ile	Thr	Cys	Gly	Tyr	Cys	His	Lys	Leu	His	Glu	
				95					100					105		
40	CAA	ATG	GCA	GAC	TAC	AAC	GCG	CTG	GGG	ATC	ACC	GTG	CGT	TAT	CTT	1080
	Gln	Met	Ala	Asp	Tyr	Asn	Ala	Leu	Gly	Ile	Thr	Val	Arg	Tyr	Leu	
				110					115					120		
45	GCT	TTC	CCG	CGC	CAG	GGG	CTG	GAC	AGC	GAT	GCA	GAG	AAA	GAA	ATG	1125
	Ala	Phe	Pro	Arg	Gln	Gly	Leu	Asp	Ser	Asp	Ala	Glu	Lys	Glu	Met	
				125					130					135		
50	AAA	GCT	ATC	TGG	TGT	GCG	AAA	GAT	AAA	AAC	AAA	GCG	TTT	GAT	GAT	1170
	Lys	Ala	Ile	Trp	Cys	Ala	Lys	Asp	Lys	Asn	Lys	Ala	Phe	Asp	Asp	
				140					145					150		
55	GTG	ATG	GCA	GGT	AAA	AGC	GTC	GCA	CCA	GCC	AGT	TGC	GAC	GTG	GAT	1215
	Val	Met	Ala	Gly	Lys	Ser	Val	Ala	Pro	Ala	Ser	Cys	Asp	Val	Asp	
				155					160					165		
60	ATT	GCC	GAC	CAT	TAC	GCA	CTT	GGC	GTC	CAG	CTT	GGC	GTT	AGC	GGT	1260
	Ile	Ala	Asp	His	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gln	Leu	Gly	Val	Ser	Gly	
				170					175					180		
65	ACT	CCG	GCA	GTT	GTG	CTG	AGC	AAT	GGC	ACA	CTT	GTT	CCG	GGT	TAC	1305
	Thr	Pro	Ala	Val	Val	Leu	Ser	Asn	Gly	Thr	Leu	Val	Pro	Gly	Tyr	
				185					190					195		

DE 197 42 706 A 1

CAG CCG CCG AAA GAG ATG AAA GAA TTC CTC GAC GAA CAC CAA AAA 1350
Gln Pro Pro Lys Glu Met Lys Glu Phe Leu Asp Glu His Gln Lys
200 205 210

5

ATG ACC AGC GGT AAA TAATTCGCGT AGCTT 1380
Met Thr Ser Gly Lys
215

10

ANGABEN ZU SEQ ID-NO:12:

SEQUENZCHARAKTERISTIKA:

15

LÄNGE: 793 Basenpaare

ART: Nucleinsäure

STRANGFORM: Doppelstrang

20

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: Fragment des Plasmids pBBP22

25

MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: Signalpeptid

LAGE: (22..84)

30

MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: reifes Peptid

LAGE: (85..783)

SONSTIGE ANGABEN:

/Produkt="Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein,
Strep-Tag II und Albumin-Bindungsdomäne"

40

MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz

LAGE: (85..606)

SONSTIGE ANGABEN:

/Produkt="matures Bilin-Bindungsprotein"

45

50

MERKMAL:

NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz

LAGE: (607..636)

SONSTIGE ANGABEN:

/Produkt="Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel"

55

60

MERKMAL:

65

DE 197 42 706 A 1

NAME/SCHLÜSSEL: kodierende Sequenz

LAGE: (637..783)

5 SONSTIGE ANGABEN:

/Produkt="Albumin-Bindungsdomäne aus Protein G"

10 SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:12:

	TCTAGATAAC	GAGGGCAAAA	A	ATG	AAA	AAG	ACA	GCT	ATC	GCG	ATT	45				
				Met	Lys	Lys	Thr	Ala	Ile	Ala	Ile					
15				-21	-20					-15						
	GCA	GTG	GCA	CTG	GCT	GGT	TTC	GCT	ACC	GTA	GCG	CAG	GCC	GAC	GTG	90
	Ala	Val	Ala	Leu	Ala	Gly	Phe	Ala	Thr	Val	Ala	Gln	Ala	Asp	Val	
20				-10					-5				-1	1		
	TAC	CAC	GAC	GGT	GCC	TGT	CCC	GAA	GTC	AAG	CCA	GTC	GAC	AAC	TTC	135
	Tyr	His	Asp	Gly	Ala	Cys	Pro	Glu	Val	Lys	Pro	Val	Asp	Asn	Phe	
25			5					10					15			
	GAC	TGG	TCC	CAG	TAC	CAT	GGT	AAA	TGG	TGG	GAA	GTC	GCC	AAA	TAC	180
	Asp	Trp	Ser	Gln	Tyr	His	Gly	Lys	Trp	Trp	Glu	Val	Ala	Lys	Tyr	
30			20					25					30			
	CCC	AAC	TCA	GTT	GAG	AAG	TAC	GGA	AAG	TGC	GGA	TGG	GCT	GAG	TAC	225
	Pro	Asn	Ser	Val	Glu	Lys	Tyr	Gly	Lys	Cys	Gly	Trp	Ala	Glu	Tyr	
			35					40					45			
35	ACT	CCT	GAA	GGC	AAG	AGT	GTC	AAA	GTT	TCG	AAC	TAC	CAC	GTA	ATC	270
	Thr	Pro	Glu	Gly	Lys	Ser	Val	Lys	Val	Ser	Asn	Tyr	His	Val	Ile	
			50					55					60			
40	CAC	GGC	AAG	GAA	TAC	TTT	ATT	GAA	GGA	ACT	GCC	TAC	CCA	GTT	GGT	315
	His	Gly	Lys	Glu	Tyr	Phe	Ile	Glu	Gly	Thr	Ala	Tyr	Pro	Val	Gly	
			65					70					75			
45	GAC	TCC	AAG	ATT	GGA	AAG	ATC	TAC	CAC	AGC	CTG	ACT	TAC	GGA	GGT	360
	Asp	Ser	Lys	Ile	Gly	Lys	Ile	Tyr	His	Ser	Leu	Thr	Tyr	Gly	Gly	
			80					85					90			
50	GTC	ACC	AAG	GAG	AAC	GTA	TTC	AAC	GTA	CTC	TCC	ACT	GAC	AAC	AAG	405
	Val	Thr	Lys	Glu	Asn	Val	Phe	Asn	Val	Leu	Ser	Thr	Asp	Asn	Lys	
			95					100					105			
55	AAC	TAC	ATC	ATC	GGA	TAC	TAC	TGC	AAA	TAC	GAC	GAG	GAC	AAG	AAG	450
	Asn	Tyr	Ile	Ile	Gly	Tyr	Tyr	Cys	Lys	Tyr	Asp	Glu	Asp	Lys	Lys	
			110					115					120			
60	GGA	CAC	CAA	GAC	TTC	GTC	TGG	GTG	CTC	TCC	AGA	AGC	ATG	GTC	CTT	495
	Gly	His	Gln	Asp	Phe	Val	Trp	Val	Leu	Ser	Arg	Ser	Met	Val	Leu	
			125					130					135			
65	ACT	GGT	GAA	GCC	AAG	ACC	GCT	GTC	GAG	AAC	TAC	CTT	ATC	GGC	TCC	540
	Thr	Gly	Glu	Ala	Lys	Thr	Ala	Val	Glu	Asn	Tyr	Leu	Ile	Gly	Ser	
			140					145					150			

DE 197 42 706 A 1

CCA	GTA	GTC	GAC	TCC	CAG	AAA	CTG	GTA	TAC	AGT	GAC	TTC	TCT	GAA	585	
Pro	Val	Val	Asp	Ser	Gln	Lys	Leu	Val	Tyr	Ser	Asp	Phe	Ser	Glu		
		155					160					165				5
GCC	GCC	TGC	AAG	GTC	AAC	AAT	AGC	AAC	TGG	TCT	CAC	CCG	CAG	TTC	630	
Ala	Ala	Cys	Lys	Val	Asn	Asn	Ser	Asn	Trp	Ser	His	Pro	Gln	Phe		
		170					175					180				10
GAA	AAA	CCA	GCT	AGC	CTG	GCT	GAA	GCT	AAA	GTT	CTG	GCT	AAC	CGT	675	
Glu	Lys	Pro	Ala	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Lys	Val	Leu	Ala	Asn	Arg		
		185					190					195				15
GAA	CTG	GAC	AAA	TAC	GGT	GTT	TCC	GAC	TAC	TAC	AAA	AAC	CTC	ATC	720	
Glu	Leu	Asp	Lys	Tyr	Gly	Val	Ser	Asp	Tyr	Tyr	Lys	Asn	Leu	Ile		
		200					205					210				20
AAC	AAC	GCT	AAA	ACC	GTT	GAA	GGT	GTT	AAA	GCT	CTG	ATC	GAC	GAA	765	
Asn	Asn	Ala	Lys	Thr	Val	Glu	Gly	Val	Lys	Ala	Leu	Ile	Asp	Glu		
		215					220					225				25
ATT	CTC	GCA	GCA	CTG	CCG	TAATAAGCTT	793									
Ile	Leu	Ala	Ala	Leu	Pro											30
		230														
ANGABEN ZU SEQ ID-NO:13:																30
SEQUENZCHARAKTERISTIKA:																35
LÄNGE: 7 Aminosäuren																35
ART: Aminosäure																
TOPOLOGIE: linear																
ART DES MOLEKÜLS: synthetisches Peptid																40
MERKMAL:																45
NAME/SCHLÜSSEL: sonstige Merkmale																45
LAGE: 1																
SONSTIGE ANGABEN: Xaa ist Biotinamidocaproyl																50
MERKMAL:																55
NAME/SCHLÜSSEL: sonstige Merkmale																55
LAGE: 7																
SONSTIGE ANGABEN: C-Terminus ist Amid																
SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID-NO:13:																60
Xaa	Ser	Pro	Thr	His	Tyr	Val										65
1						5										

1. Anticaline, herstellbar ausgehend von Polypeptiden der Lipocalinfamilie, indem Aminosäuren im Bereich der vier Peptidschleifen, die an einem Ende der zylindrischen Faltblattstruktur angeordnet sind, mutiert werden, und die dadurch charakterisiert sind, daß sie einen vorgegebenen Liganden mit bestimmbarer Affinität binden.
2. Anticaline nach Anspruch 1, wobei das Lipocalin ausgewählt wird aus der Gruppe bestehend aus dem Bilin-Bindungsprotein aus *Pieris brassicae*, dem Retinol-Bindungsprotein des Menschen und dem Apolipoprotein D des Menschen.
3. Anticaline nach Anspruch 1 oder 2, wobei es sich bei den mutierten Aminosäuren im Bereich der vier Peptidschleifen um die Sequenzpositionen 34 bis 37, 58, 60, 69, 88, 90, 93, 95, 97, 114, 116, 125 und 127 des Bilin-Bindungsproteins oder um die Sequenzpositionen 34 bis 37, 59, 61, 70, 87, 89, 92, 94, 96, 113, 115, 123 und 125 des Apolipoprotein D handelt.
4. Anticaline nach einem der Ansprüche 1 bis 3, wobei weitere Aminosäuren in dem Lipocalin oder Anticalin ausgetauscht werden, um die monomere Struktur des Anticalins zu stabilisieren, um Erkennungsstellen für Proteasen in dem Anticalin zu eliminieren oder um geeignete Restriktionsschnittstellen zur Manipulation der für die Lipocalinmunteine oder das Anticalin kodierenden Nukleinsäuren einzuführen.
5. Anticaline nach einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei der Ligand eine chemische Verbindung in freier oder konjugierter Form ist, die Merkmale eines immunologischen Haptens aufweist.
6. Anticaline nach einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei der Ligand ein Peptid, ein Polypeptid oder ein anderes Makromolekül oder ein entsprechendes Konjugat davon ist.
7. Verfahren zur Herstellung von Anticalinen nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6, wobei die aus der Mutagenese resultierende Nukleinsäure, die für die Bibliothek der Lipocalinmunteine kodiert, zur Selektion des oder der Anticaline auf Bindung des vorgegebenen Liganden am 3'-Ende mit einem Gen, das für das Hüllprotein pIII eines filamentösen Bakteriophagen der M13-Familie oder für ein Fragment dieses Hüllproteins kodiert, in operabler Weise fusioniert wird.
8. Verfahren zur Herstellung von Anticalinen nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6, wobei das Anticalin, ein Fragment des Anticalins oder ein Fusionsprotein aus dem Anticalin und einem anderen Polypeptid ausgehend von der für das Anticalin kodierenden Nukleinsäure mittels gentechnischer Methoden in einem bakteriellen oder eukaryontischen Wirtsorganismus produziert und aus diesem Wirtsorganismus oder dessen Kultur gewonnen wird.
9. Verwendung von Anticalinen oder von Fusionsproteinen aus Anticalinen und anderen Polypeptiden nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6 zur Bindung an eine Festphase, so daß der Ligand des Anticalins oder ein Konjugat oder Fusionsprotein dieses Liganden immobilisiert oder abgetrennt werden kann.
10. Verwendung von Anticalinen oder von Fusionsproteinen aus Anticalinen und anderen Polypeptiden nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6 zur Markierung mit einem Enzym, einem Antikörper, einer radioaktiven Substanz oder einer anderen Gruppe mit einer biochemischen Aktivität oder mit definierten Bindungseigenschaften, so daß der Ligand des Anticalins oder ein Konjugat oder Fusionsprotein dieses Liganden damit nachgewiesen oder in Kontakt gebracht werden kann.

Hierzu 7 Seite(n) Zeichnungen

- Leerseite -

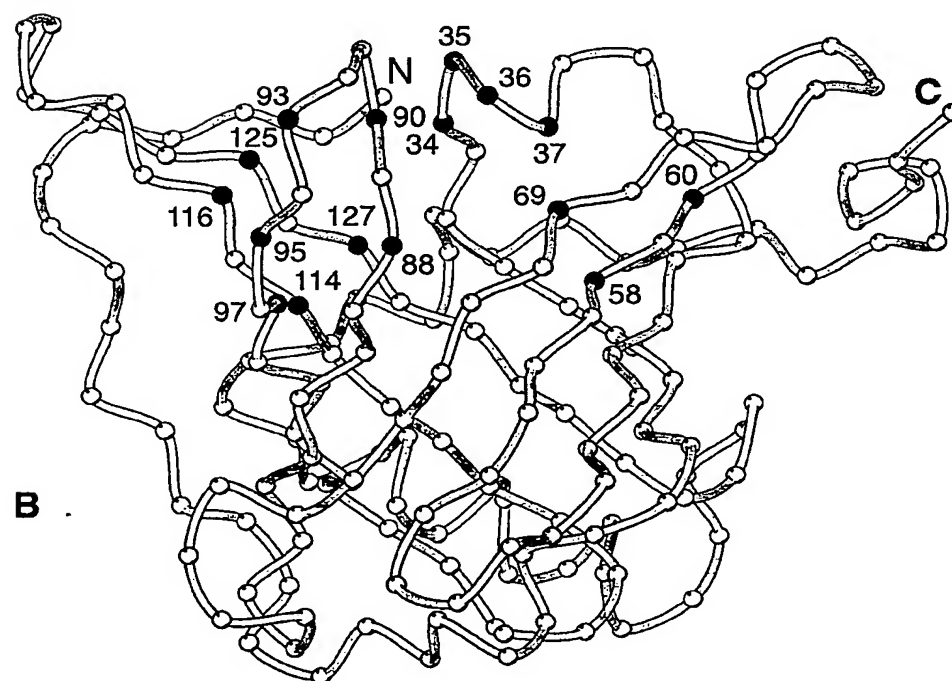
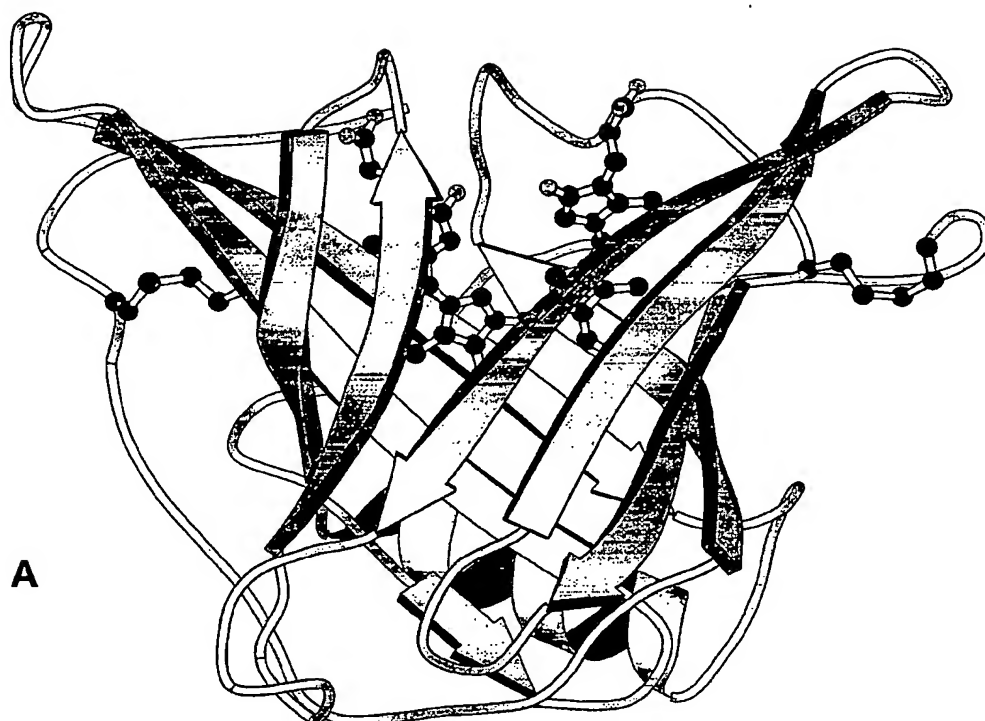


Fig. 1

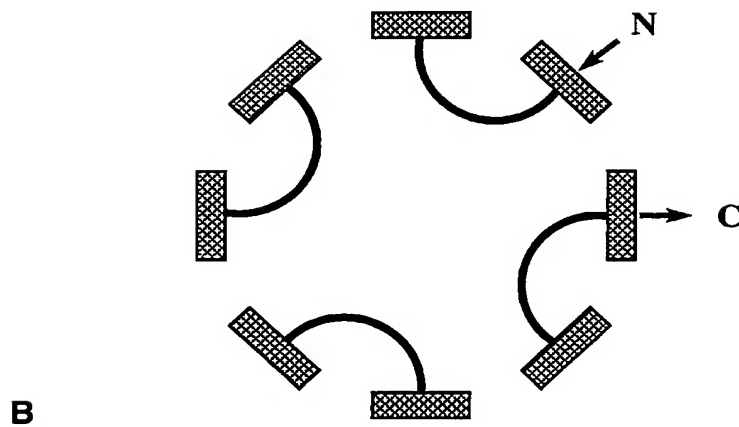
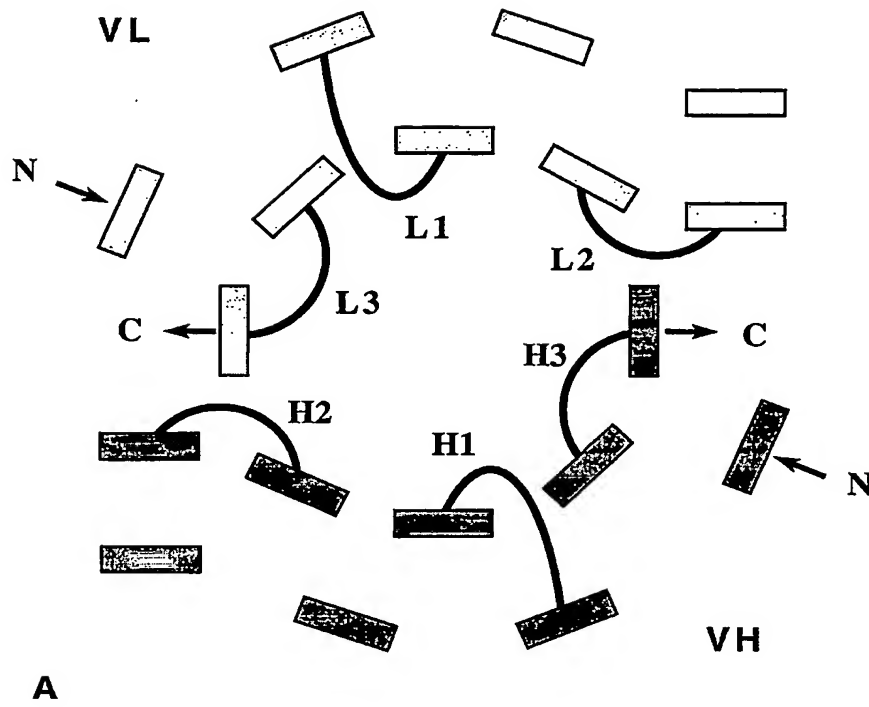


Fig. 2

Rbp 1 ERDCRVSSFRVKENFDKARFSGTWYAMAKKDPEGLFLQDNIVA~~EF~~SV. 47
ApoD 1 QAFHLGKCPNPPVQENFDVNKYLGRWYEIEKIPTTFEN.GRCIQANYSLM 49
Bbp 1 NVYHDGACPEVKPVDNFDWSNYHGKWW~~EV~~AKYPNSVEKYGKCGWAEYTP. 49

=====

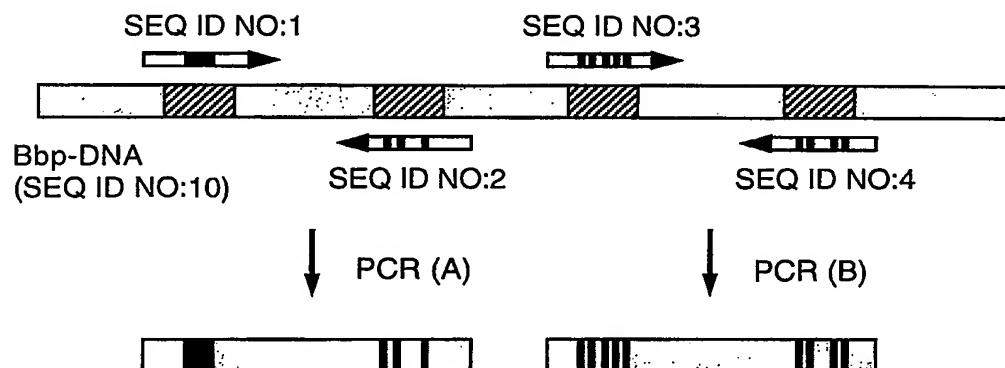
Rbp 48 DETGOMSATAKGRVRLNNDVVCADMVGTFTDTEDP..~~AKFKMKY~~WGVAS 95
ApoD 50 ENGKIKVLNQELRADG.....TVNQIEGEATPVNLT..~~EPAKLEV~~KFSWF 92
Bbp 50 E.GKS~~V~~KVS~~NY~~HVIHG.....KEYFIEGTAYPVGDSKIG~~KIYH~~KLTYGGV 93
* * * * *
=====

Rbp 96 FLQKGND~~DH~~WIVDTDYDTYAVOYSCRLNLDGTCADSY~~SFV~~SRDPNGLP 145
ApoD 93 ...MPSAPYWILATDYENYALVYSCTCI.IQ.LFHVDFAWILARNPNL.P 136
Bbp 94 ...TKEN~~V~~FNLSTDNKNYIIGYYCKYD.EDKKGHODFVWLSRSKVL.T 138
* * * * *
=====

Rbp 146 PEAQKIVRQRQEEL.CLA.RQYRLIVH...NGYCDGRSERNLL 183
ApoD 137 PETVDSLKNILT.SNNIDVKKMTVTD..QVNCPKLS 169
Bbp 139 GEAKTAVENYLIGSPVVDSQKLVSDFSEAACKVNN 174

Fig. 3

1. PCR (A + B)



2. PCR

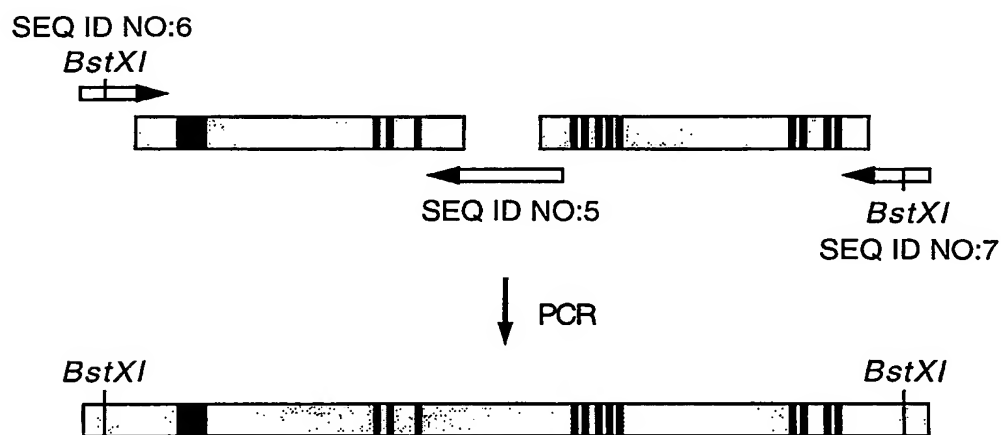


Fig. 4

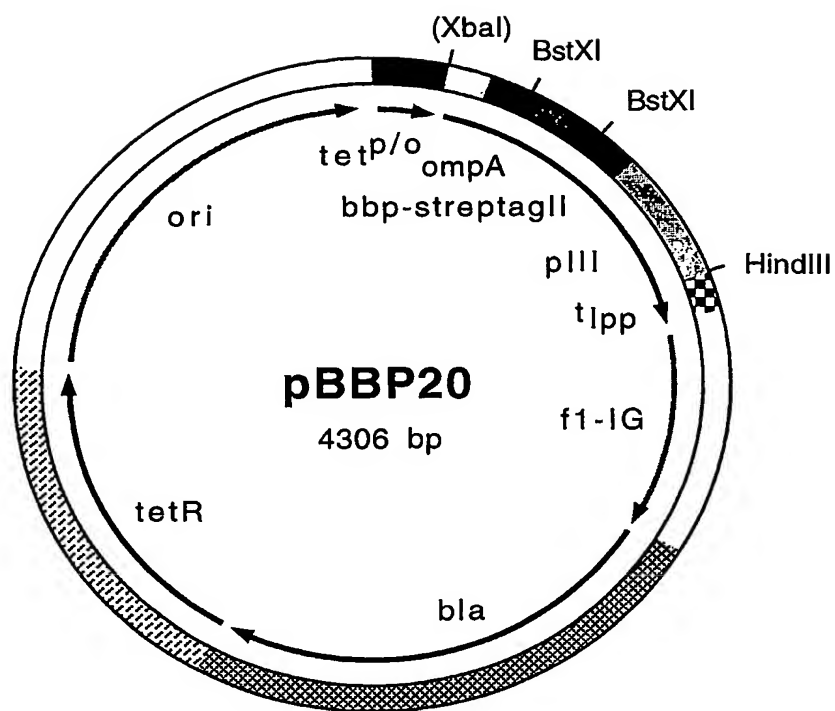


Fig. 5

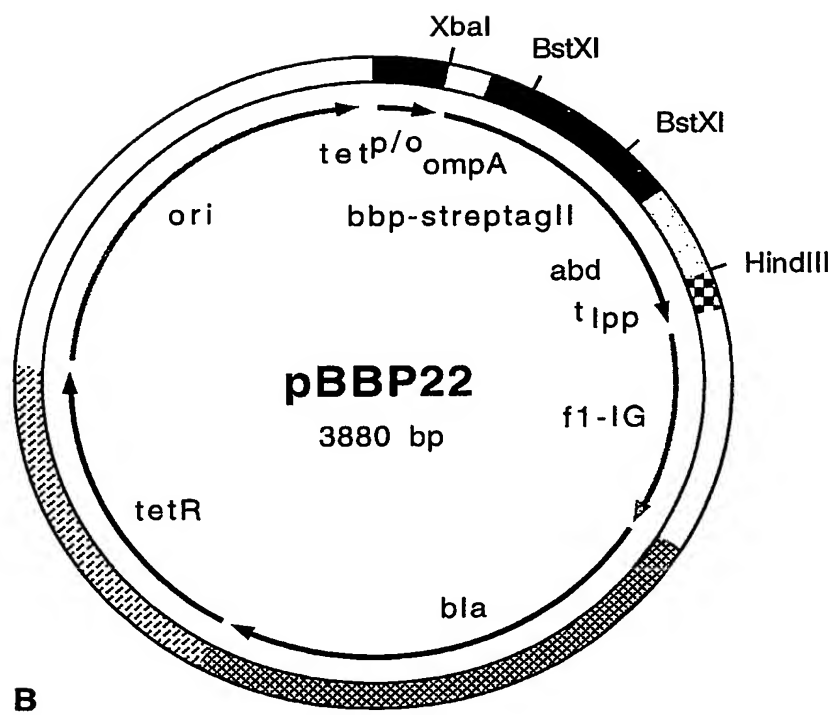
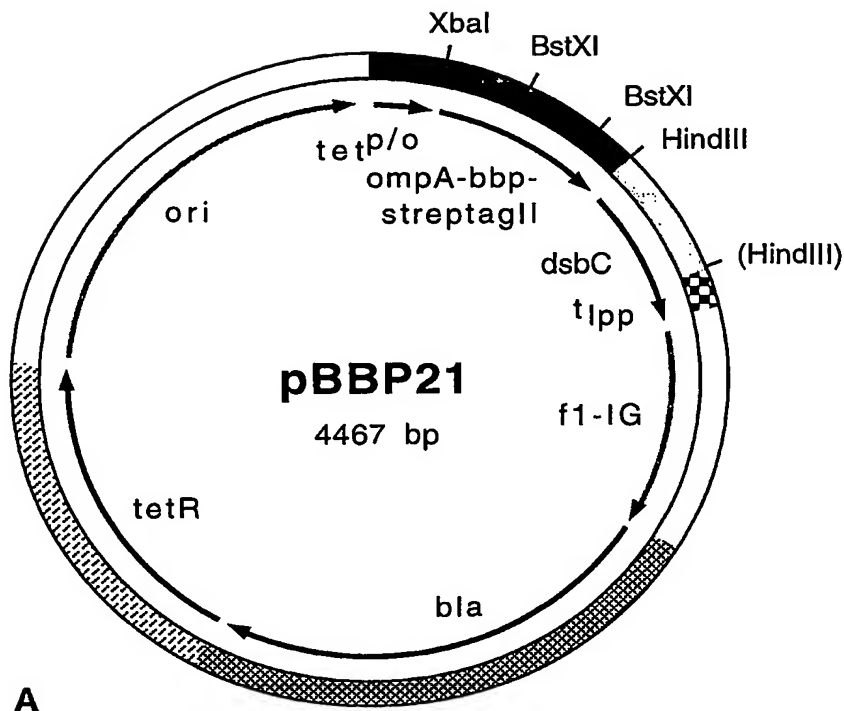


Fig. 6

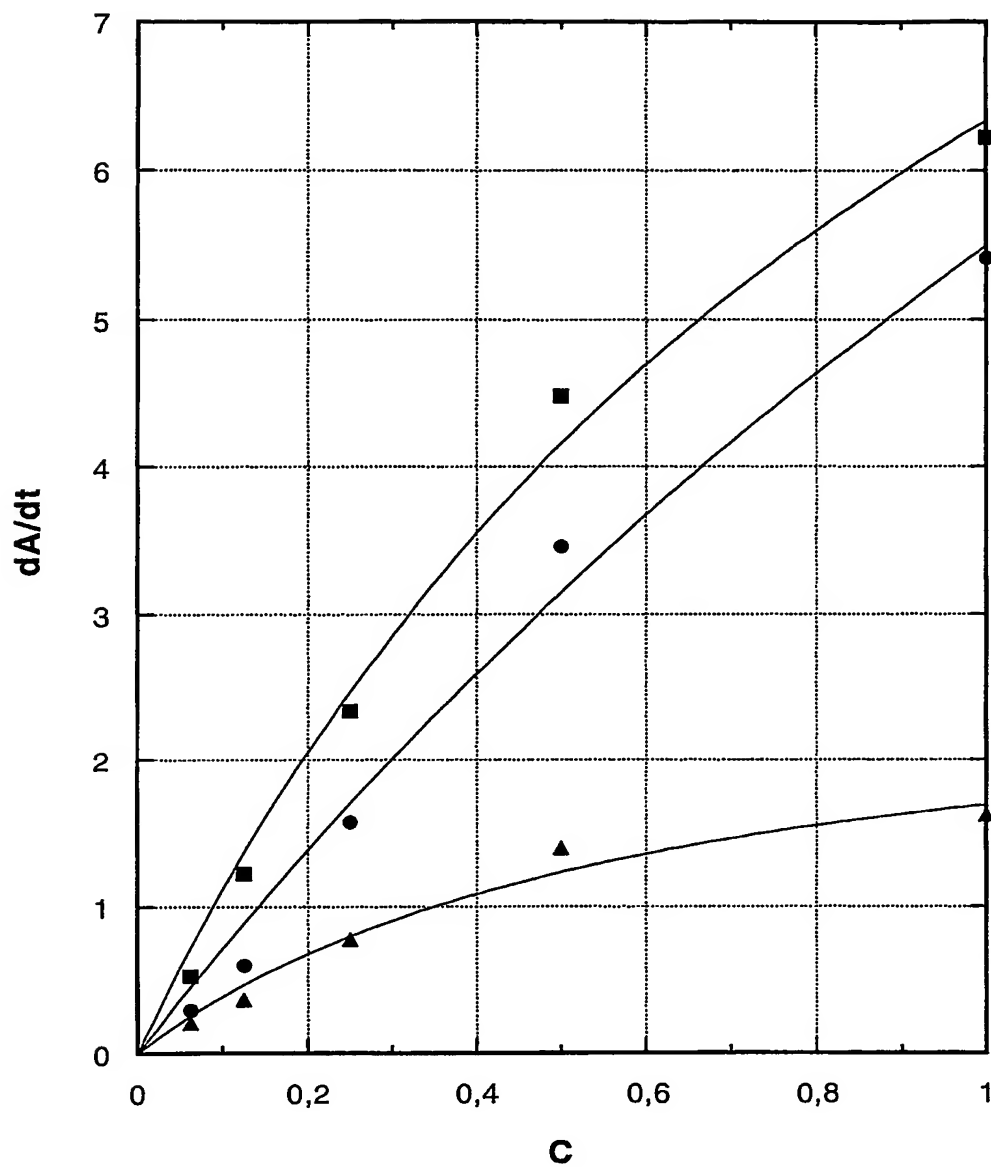


Fig. 7